



DEMANDE INTERNATIONALE PUBLIÉE EN VERTU DU TRAITE DE COOPERATION EN MATIÈRE DE BREVETS (PCT)

(51) Classification internationale des brevets ⁶ : C07K 14/47, C12N 15/12, 15/63, C07K 16/18, A61K 38/17, G01N 33/00	A1	(11) Numéro de publication internationale: WO 99/11663 (43) Date de publication internationale: 11 mars 1999 (11.03.99)
(21) Numéro de la demande internationale: PCT/FR98/01864 (22) Date de dépôt international: 28 août 1998 (28.08.98) (30) Données relatives à la priorité: 97/10823 29 août 1997 (29.08.97) FR (71) Déposant (<i>pour tous les Etats désignés sauf US</i>): GENSET [FR/FR]; 24, rue Royale, F-75008 Paris (FR). (72) Inventeurs; et (75) Inventeurs/Déposants (<i>US seulement</i>): BOUGUELERET, Lydie [FR/FR]; 108, avenue Victor Hugo, F-92170 Vanves (FR). CHUMAKOV, Ilya [FR/FR]; 196, rue des Chèvrefeuilles, F-77000 Vaux-le-Penil (FR). (74) Mandataires: MARTIN, Jean-Jacques etc.; Cabinet Regimbeau, 26, avenue Kléber, F-75116 Paris (FR).		(81) Etats désignés: AL, AM, AT, AU, AZ, BA, BB, BG, BR, BY, CA, CH, CN, CU, CZ, DE, DK, EE, ES, FI, GB, GE, GH, GM, HR, HU, ID, IL, IS, JP, KE, KG, KP, KR, KZ, LC, LK, LR, LS, LT, LU, LV, MD, MG, MK, MN, MW, MX, NO, NZ, PL, PT, RO, RU, SD, SE, SG, SI, SK, SL, TJ, TM, TR, TT, UA, UG, US, UZ, VN, YU, ZW, brevet ARIPO (GH, GM, KE, LS, MW, SD, SZ, UG, ZW), brevet eurasien (AM, AZ, BY, KG, KZ, MD, RU, TJ, TM), brevet européen (AT, BE, CH, CY, DE, DK, ES, FI, FR, GB, GR, IE, IT, LU, MC, NL, PT, SE), brevet OAPI (BF, BJ, CF, CG, CI, CM, GA, GN, GW, ML, MR, NE, SN, TD, TG). Publiée <i>Avec rapport de recherche internationale.</i>
(54) Title: HUMAN DEFENSIN DEF-X, GENE AND DNAC, COMPOSITION CONTAINING SAME AND DIAGNOSTIC AND THERAPEUTIC APPLICATIONS		
(54) Titre: DEFENSINE HUMAINE DEF-X, GENE ET cDNA, COMPOSITION LES CONTENANT ET APPLICATIONS AU DIAGNOSTIC ET A LA THERAPIE		
(57) Abstract		
<p>The invention concerns a novel human polypeptide defensin, homologous of HNP-4, its genomic DNA and DNAC, vectors, cells transformed by said vectors, the use of said polypeptide as antibiotic, cytotoxic, repairing and endocrine regulating agent or as pesticide as well as cosmetic or pharmaceutical compositions for treating microbial infections, in particular bacterial, fungal, and viral, or parasitic, cancers, inflammation and immunodeficiency. The invention also concerns diagnostic methods and kits for determining a microbial or parasitic infection and an inflammation, or for detecting predisposition to immunodeficiency or cancerous diseases.</p>		
(57) Abrégé		
<p>La présente invention concerne une nouvelle défensine polypeptidique humaine Def-X, homologue de l'HNP-4, son ADN génomique et ADNc, des vecteurs, des cellules transformées par lesdits vecteurs, l'utilisation dudit polypeptide comme agent antibiotique, cytotoxique, de réparation et de régulation endocrine ou comme pesticide ainsi que des compositions cosmétiques ou pharmaceutiques pour le traitement des infections microbiennes, notamment bactériennes, fongiques, et virales, ou parasitaires, de cancers, de l'inflammation et de déficit immunitaire. L'invention concerne également des méthodes et des kits de diagnostic pour la détermination d'une infection microbienne ou parasitaire et d'une inflammation, ou pour le dépistage de prédisposition à des déficiences immunitaires ou des maladies cancéreuses.</p>		

BEST AVAILABLE COPY

AM

UNIQUEMENT A TITRE D'INFORMATION

Codes utilisés pour identifier les Etats parties au PCT, sur les pages de couverture des brochures publiant des demandes internationales en vertu du PCT.

AL	Albanie	ES	Espagne	LS	Lesotho	SI	Slovénie
AM	Arménie	FI	Finlande	LT	Lituanie	SK	Slovaquie
AT	Autriche	FR	France	LU	Luxembourg	SN	Sénégal
AU	Australie	GA	Gabon	LV	Lettonie	SZ	Swaziland
AZ	Azerbaïdjan	GB	Royaume-Uni	MC	Monaco	TD	Tchad
BA	Bosnie-Herzégovine	GE	Géorgie	MD	République de Moldova	TG	Togo
BB	Barbade	GH	Ghana	MG	Madagascar	TJ	Tadjikistan
BE	Belgique	GN	Guinée	MK	Ex-République yougoslave de Macédoine	TM	Turkménistan
BF	Burkina Faso	GR	Grèce			TR	Turquie
BG	Bulgarie	HU	Hongrie	ML	Mali	TT	Trinité-et-Tobago
BJ	Bénin	IE	Irlande	MN	Mongolie	UA	Ukraine
BR	Brésil	IL	Israël	MR	Mauritanie	UG	Ouganda
BY	Bélarus	IS	Islande	MW	Malawi	US	Etats-Unis d'Amérique
CA	Canada	IT	Italie	MX	Mexique	UZ	Ouzbékistan
CF	République centrafricaine	JP	Japon	NE	Niger	VN	Viet Nam
CG	Congo	KE	Kenya	NL	Pays-Bas	YU	Yougoslavie
CH	Suisse	KG	Kirghizistan	NO	Norvège	ZW	Zimbabwe
CI	Côte d'Ivoire	KP	République populaire démocratique de Corée	NZ	Nouvelle-Zélande		
CM	Cameroun			PL	Pologne		
CN	Chine	KR	République de Corée	PT	Portugal		
CU	Cuba	KZ	Kazakhstan	RO	Roumanie		
CZ	République tchèque	LC	Sainte-Lucie	RU	Fédération de Russie		
DE	Allemagne	LI	Liechtenstein	SD	Soudan		
DK	Danemark	LK	Sri Lanka	SE	Suède		
EE	Estonie	LR	Libéria	SG	Singapour		

DEFENSINE HUMAINE DEF-X, GENE ET cDNA, COMPOSITION LES CONTENANT ET APPLICATIONS AU DIAGNOSTIC ET A LA THERAPIE

La présente invention concerne une nouvelle défensine polypeptidique humaine Def-X, homologue de l'HNP-4, son ADN génomique et ADNc.

L'invention concerne également des vecteurs de clonage et d'expression, des cellules transformées par lesdits vecteurs. L'invention a aussi pour objet l'utilisation desdits polypeptides comme agent antibiotique, cytotoxique, de réparation et de régulation endocrine ou comme pesticide ainsi que des compositions cosmétiques ou pharmaceutiques pour le traitement des infections microbiennes, notamment bactériennes, fongiques, et virales, ou parasitaires, de cancers, de l'inflammation et de déficit immunitaire. Enfin, l'invention comprend des méthodes et des kits de diagnostic pour la détermination d'une infection microbienne ou parasitaire et d'une inflammation, ou pour le dépistage de prédisposition à des déficiences immunitaires ou des maladies cancéreuses.

Les substances antimicrobiennes sont des éléments primordiaux de la défense des organismes multicellulaires. Parmi ces substances, on trouve aussi bien des composés inorganiques simples (péroxyde d'hydrogène, acide hypochloreux, oxyde nitrique) que des peptides et protéines complexes. Ils sont présents sur les premières lignes de défense, à la surface des muqueuses de différents organes, notamment dans les cellules épithéliales de l'intestin et des poumons, selon les espèces, ainsi que dans les organelles microbicides des cellules phagocytaires d'origine hématopoïétique, où ils furent tout d'abord mis en évidence. Leur synthèse *de novo* ou leur libération à partir de sites de stockage - organelles de type lysosomes, granules cytoplasmiques, capables de les stocker sous une forme inactive ou latente - peuvent être induites rapidement, ce qui les rend particulièrement importants dans les phases précoces de résistance aux infections (Martin et al., 1995).

Les protéines antimicrobiennes d'une taille inférieure à cent acides aminés sont arbitrairement appelées peptides antimicrobiens. Plusieurs familles de peptides antimicrobiens ont été identifiées, qui diffèrent quant à la présence en leur sein de ponts disulfures, quant à leur composition en acides aminés, à leur conformation structurale et à leur spectre d'activité. Les peptides antimicrobiens comportant six cystéines conservées forment la famille des défensines. Cette famille est composée de peptides antimicrobiens présents dans de nombreuses espèces, abondants, d'environ 3-4 kDa (Ganz et Lehrer, 1994). Ces peptides sont formés de 30 à 40 acides aminés, dont six

cystéines invariantes qui forment trois liens disulfides intramoléculaires. Ils ont une conformation complexe, sont amphipathiques, riches en feuilletts bêta anti-parallèles, mais dépourvus d'hélices alpha (Lehrer et Ganz, 1992). L'action antimicrobienne des défensines résulterait de leur insertion dans les membranes des cellules cibles, permettant la formation de canaux voltage-dépendants. White et al. (1995) décrivent les mécanismes possibles d'insertion membranaire et de formation de pores multimériques par les défensines, qui permettent la perméabilisation des membranes des cellules cibles, par exemple des cellules microbiennes ou tumorales. La structure cristallographique de la défensine humaine de neutrophile HNP-3 (voir ci-dessous) a été déterminée, et un mécanisme particulier de dimérisation des défensines humaines de neutrophile est en outre suggéré. La connaissance élargie de cette famille de peptides et la comparaison de leurs séquences et spectres d'activité permettront de mieux comprendre ces mécanismes et leurs spécificités, ainsi que les résidus acides aminés plus particulièrement impliqués dans ces phénomènes.

Les défensines se répartissent en trois familles de peptides, structurellement différents : les défensines "classiques", les bêta-défensines et les défensines des insectes. Ces familles présentent des différences concernant la position et l'espacement des résidus cystéines conservés, ainsi que ceux d'autres acides aminés conservés (proline, glycine) (Ganz et Lehrer, 1995).

Les défensines humaines, de type classique, proviennent essentiellement de deux sources. Elles ont d'abord été identifiées par purification peptidique à partir d'extraits de neutrophiles. Quatre défensines ont ainsi été isolées: "human neutrophil peptides" HNP-1, HNP-2, HNP-3, et HNP-4. Les trois premières sont des produits différents du même gène (Ganz et Lehrer, 1995). Ces trois peptides représentent 99 % du contenu des neutrophiles en défensines, alors que HNP-4 y est aussi présent, mais à des concentrations 100 fois plus faibles. Plus récemment, deux défensines entériques humaines, HD-5 et HD-6, ont été caractérisées dans l'intestin grêle et plus précisément dans les cellules de Paneth (Bevins et al., 1996). Alors que 16 gènes de défensines entériques ont été mis en évidence chez la souris, seuls ces deux homologues ont été identifiés chez l'homme (Mallow et al., 1996).

Les défensines ont une action antimicrobienne sur un large spectre de microorganismes *in vitro* (Martin et al., 1995). Ce spectre d'action, particulièrement large, comprend des bactéries, Gram-positives et Gram-négatives, plusieurs champignons, des mycobactéries, des parasites dont les spirochètes et plusieurs virus à enveloppe dont les virus HSV et HIV. Elles sont également cytotoxiques pour plusieurs

catégories de cellules normales et malignes, dont les cellules résistantes au TNF-alpha et au facteur cytolytique NK (Kagan et al., 1994). La grande quantité de cibles des défensines et leur abondance dans les cellules sanguines spécialisées dans la défense immunitaire, ainsi que l'augmentation dramatique de leur concentration au cours d'infections sévères, suggèrent que ces molécules joueraient un rôle important dans l'immunité naturelle aux infections et aux cancers. Notamment, l'augmentation de la transcription des gènes des défensines et la libération de granules cytoplasmiques contenant des défensines pré-synthétisées en réponse à des stimuli, contribuent à la réponse antimicrobienne locale, les défensines pouvant participer à la réaction d'inflammation, aux processus de réparation et à la régulation endocrine pendant l'infection. Les défensines hématopoïétiques pourraient contribuer au phénomène de lyse des cellules cancéreuses, phénomène médié par les neutrophiles au cours de la réponse immunitaire anticorps-dépendante. Le rôle physiologique précis des défensines entériques n'est pas clairement établi. Elles pourraient endiguer la prolifération de la flore intraluminale ou empêcher la translocation de bactéries à travers la muqueuse intestinale (Mallow et al., 1996). L'abondance de l'ARNm de défensine dans les cellules de Paneth renforce l'hypothèse que ces cellules épithéliales joueraient un rôle clé dans la défense immunitaire de l'intestin. Il a par ailleurs été montré que leur schéma d'expression coïncide avec l'apparition des cellules de Paneth au cours de l'embryogenèse. Mallow et al. (1996) ont suggéré que de faibles taux d'expression de défensines entériques chez le fœtus serait le témoin d'une immaturité de la défense locale, ce qui prédisposerait les enfants nés prématurément à des infections dues aux microorganismes intestinaux.

Une concentration des défensines correspondant à 10 % du taux normal est constatée chez des patients atteints de "specific granule deficiency", une maladie rare du développement des granulocytes. Les sujets atteints souffrent d'infections fréquentes, provoquées par des bactéries communes (Ganz et Lehrer, 1995).

Les défensines modifiées biochimiquement sont de potentiels agents prophylactiques et thérapeutiques contre les infections (Ganz et Lehrer, 1995). La recherche concernant ces peptides antimicrobiens ou d'autres molécules participant de l'immunité naturelle, acquiert une importance particulière depuis que se développent des phénomènes de résistance des microorganismes aux antibiotiques traditionnels (Bevins et al., 1996).

La structure primaire de défensines, notamment des défensines humaines, a fait l'objet d'études récentes (White et al., 1995 ; Mallow et al., 1996). Les défensines

classiques comprennent 29 à 35 acides aminés, mais dérivent de précurseurs - préproprotéines - comprenant 90 à 100 acides aminés. La maturation protéolytique des défensines humaines de neutrophiles en peptides matures est couplée avec leur adressage vers les granulocytes ; la fonction du propeptide inclurait l'inactivation de la forme précurseur de la défensine et un support à l'acquisition de la conformation active du peptide mature (Martin et al., 1995). Les homologues peptidiques sont maximales au niveau des signaux peptides, et minimales au niveau des peptides matures, qui comportent néanmoins six résidus cystéines totalement conservés. Si la conservation de ces résidus semble nécessaire à l'acquisition de structures secondaires impliquées dans l'activité des défensines, les différences de séquences existant au sein de la très large famille de ces peptides antimicrobiens, notamment à leur extrémité N-terminale, mais aussi dans d'autres régions non conservées, semblent être des déterminants importants de leur spectre d'activité, et de leur efficacité antimicrobienne ou cytotoxique. L'identification de nouveaux membres de cette famille de peptides, et notamment de défensines humaines, est donc nécessaire à la compréhension de leur mécanisme d'action et de leur spécificité, ainsi qu'à leur utilisation comme agents anti-infectieux et/ou cytotoxiques, ou au dessin de peptides variants présentant des spectres spécifiques et/ou d'efficacité diminuée ou augmentée.

Sparkes et al. (1989), ont localisé le gène codant pour HNP-1 sur le chromosome 8, dans la région 8p23. Bevins et al. (1995), et Mallow et al. (1996), ont localisé les deux gènes codant pour HD-5 et HD-6 sur le chromosome 8, plus précisément dans la région 8p21-pter, région incluant la région précédemment identifiée comme portant les défensines hématopoïétiques. Les gènes codant pour les défensines entériques humaines HD-5 et HD-6 contiennent deux exons, alors que ceux codant pour les défensines hématopoïétiques en contiennent trois, les deux derniers exons codant pour le prépropeptide, aussi bien chez l'homme, que chez le cobaye et le lapin (Mallow et al., 1996). La comparaison des séquences génomiques des gènes *HD-5* et *HD-6* a révélé une très forte similarité des séquences flanquantes non codantes en 5', suggérant que celles-ci contiennent l'information nécessaire à la tissu-spécificité de l'expression de ces gènes; ces mêmes régions portent en outre de nombreux sites de fixation pour des facteurs de transcription, dont deux sites AP2 et six sites IL6, suggérant des voies de régulation de l'expression de ces gènes au cours des processus inflammatoires. De façon plus générale, le très important degré de similarité des séquences et de l'organisation génomique des défensines HNP-1, 2, 3, 4 et HD-5 et 6, a conduit Bevins et al. (1995) à

un modèle d'évolution tentant de relater l'organisation chromosomique de la famille, et les fractions homologues de chaque paire de gènes.

Il est enfin intéressant de noter que la région chromosomique 8p23 est impliquée dans de nombreuses pathologies, notamment cancéreuses : on citera par exemple le carcinome hépatocellulaire (Becker et al., 1996), le cancer du poumon non à petites cellules (Sundareshan et Augustus, 1996), le cancer de la prostate (Ichikawa et al., 1996), et le carcinome colorectal (Yarenko et al., 1994). Bien que ceci n'ait jamais été documenté, il est possible qu'une déficience en l'une ou l'autre des défensines humaines ait un rôle dans la prédisposition à de telles pathologies, ou dans leur développement.

La présente invention concerne une nouvelle défensine humaine, Def-X, homologue de la défensine HNP-4.

La présente invention a donc pour objet un polypeptide isolé choisi parmi les polypeptides suivants :

- a) polypeptide dont la séquence d'acides aminés est la séquence SEQ ID N° 3 ;
- b) polypeptide homologue, variant, ou modifié du polypeptide dont la séquence d'acides aminés est la séquence SEQ ID N° 3 ;
- c) polypeptide dont la séquence d'acides aminés est la séquence d'acides aminés d'un fragment biologiquement actif d'un polypeptide tel que défini en a) ou b) ;
- d) polypeptide comprenant au moins un fragment tel que défini en c).

Dans la présente description, on entendra désigner également par « polypeptide » une protéine ou un peptide.

Selon un mode préféré, le polypeptide selon l'invention est caractérisé en ce qu'il est constitué de l'un au moins des fragments suivants :

- a) peptide signal dont la séquence d'acides aminés est la séquence SEQ ID N° 4, correspondant à la séquence comprise entre la position 1 et la position 19, extrémités comprises, de la séquence d'acides aminés SEQ ID N° 3 ;
- b) région pro dont la séquence d'acides aminés est la séquence SEQ ID N° 5, correspondant à la séquence comprise entre la position 20 et la position 63, extrémités incluses, de la séquence d'acides aminés SEQ ID N° 3 ;
- c) peptide mature dont la séquence d'acides aminés est la séquence SEQ ID N° 6, correspondant à la séquence comprise entre la position 64 et la position 94, extrémités incluses, de la séquence d'acides aminés SEQ ID N° 3 ; ou
- d) fragment homologue, variant ou modifié d'un peptide selon a), b) ou c).

De façon encore préférée, les polypeptides selon la présente invention correspondent à la structure primaire de la défensine mature définie précédemment, c'est-à-dire la structure correspondant à la séquences d'acides aminés SEQ ID N° 6 suivante :

5 Ile Cys His Cys Arg Val Leu Tyr Cys Ile Phe Gly Glu His Leu Gly Gly Thr Cys
Phe Ile Leu Gly Glu Arg Tyr Pro Ile Cys Cys Tyr.

ses homologues, variants ou formes modifiées ainsi que leurs fragments biologiquement actifs et les polypeptides les contenant.

Il est bien entendu que les polypeptides de l'invention sont sous forme non naturelle, c'est-à-dire qu'ils ne sont pas pris dans leur environnement naturel mais qu'ils ont pu être obtenus par purification à partir de sources naturelles ou bien obtenus par recombinaison génétique ou par synthèse chimique comme cela sera décrit ci-après.

Par « polypeptide homologue », on entend un polypeptide dont la séquence d'acides aminés présente au minimum 80 %, et préférentiellement 90 %, d'acides aminés en commun.

Par « polypeptide variant », on entend désigner un polypeptide muté ou correspondant à un polymorphisme pouvant exister, notamment chez l'être humain et pouvant présenter une troncature, une substitution, une délétion et/ou une addition d'au moins un acide aminé comparé au polypeptide selon l'invention.

Par « polypeptide modifié », on entend désigner un polypeptide obtenu par recombinaison génétique ou par synthèse chimique comme cela sera décrit ci-après, présentant une modification par rapport à la séquence normale. Ces modifications pourront notamment porter sur les domaines pré-, pro- ou mature du polypeptide selon l'invention, sur les acides aminés à l'origine d'une spécificité de spectre ou d'efficacité de l'activité, ou à l'origine de la conformation structurale, de la charge, ou de l'hydrophobicité, et de la capacité de multimérisation et d'insertion membranaire du polypeptide selon l'invention. On pourra ainsi créer des polypeptides d'activité équivalente, augmentée ou diminuée, et de spécificité équivalente, plus étroite, ou plus large. Les modifications pourront aussi porter sur les séquences impliquées dans la maturation, le transport et l'adressage du polypeptide.

Par « fragment biologiquement actif » d'un polypeptide selon l'invention, on entend désigner un fragment polypeptidique ayant conservé au moins une activité du polypeptide dont il est issu, en particulier :

- capable d'être reconnu par un anticorps spécifique d'un polypeptide selon l'invention ; et/ou

- capable d'agir comme antibiotique ; et/ou
- capable d'agir comme agent cytotoxique ; et/ou
- capable d'agir comme agent antitumoral ; et/ou
- capable de moduler la réparation de tissu, la régulation endocrine ou le processus d'inflammation, notamment durant une infection.

Selon l'invention, les fragments biologiquement actifs de polypeptides selon l'invention auront au minimum 10 acides aminés, de préférence 15 acides aminés.

Comme cela a été indiqué précédemment, parmi les fragments biologiquement actifs, un fragment préféré est le peptide mature de séquence d'acides aminés SEQ ID N° 6.

Parmi les homologues du peptide mature, il faut citer les polypeptides dans lesquels jusqu'à 5 acides aminés ont été modifiés, tronqués à l'extrémité N- ou C-terminale, ou bien délétés, ou bien ajoutés, ce qui représente environ 80 % de la séquence.

Les fragments biologiquement actifs de ce peptide mature comportent de préférence de 10 à 15 acides aminés, dont l'intérêt pourra être de pouvoir être obtenus facilement par synthèse chimique.

Comme cela est indiqué, les modifications du polypeptide mature auront pour objectif notamment de :

- moduler l'activité de la défensine,
- modifier sa spécificité, tant au niveau des microorganismes sur lesquels elle est active que sur sa localisation tissulaire,
- modifier sa biodisponibilité.

Les composés précédents peuvent être obtenus en utilisant la chimie combinatoire, dans laquelle il est possible de faire varier systématiquement des parties de polypeptide avant de les tester sur des modèles, cultures cellulaires ou des microorganismes par exemple, pour sélectionner les composés les plus actifs ou présentant les propriétés recherchées.

La synthèse chimique présente également l'avantage de pouvoir utiliser :

- des acides aminés non naturels, ou
- des liaisons non peptidiques.

Ainsi, afin d'améliorer la durée de vie des peptides, il pourra être intéressant d'utiliser des acides aminés non naturels, par exemple sous forme D, ou bien des analogues d'acides aminés, notamment des formes soufrées par exemple.

Enfin, la structure de la défensine mature ou de ses homologues, variants ou modifiés, de même que les fragments correspondant, pourront être intégrés dans des structures chimiques de type polypeptidique ou autres. Ainsi, il pourra être intéressant de prévoir aux extrémités N- et C-terminales des composés non reconnus par les protéases.

5 L'invention comprend également les acides nucléiques codant pour un polypeptide selon l'invention.

Selon un mode préféré, les acides nucléiques selon l'invention seront choisis parmi les acides nucléiques suivants :

- a) acide nucléique de séquence SEQ ID N° 1 (génomique) ;
- 10 b) acide nucléique de séquence SEQ ID N° 2 (cDNA) ;
- c) acide nucléique équivalent, homologue, muté ou modifié, par rapport aux acides nucléiques selon a) ou b) ;
- d) fragment des séquences a), b) ou c) ayant au moins dix bases ;
- e) acide nucléique capable de s'hybrider avec l'une des séquences telles que définies
- 15 en a), b), c) ou d).

Il est entendu que la présente invention ne concerne pas les séquences génomiques dans leur environnement chromosomique naturel ; il s'agit de séquences qui ont été isolées, c'est-à-dire qu'elles ont été prélevées directement ou indirectement, leur environnement ayant été au moins partiellement modifié.

20 Il peut ainsi s'agir d'ADN génomique, d'ADNc, ou d'ARN, comportant ou non des nucléotides non naturels ; il peut s'agir d'acides nucléiques naturels isolés, ou d'acides nucléiques de synthèse.

Par acide nucléique équivalent, on entendra un acide nucléique codant pour les polypeptides selon l'invention, compte tenu de la dégénérescence du code génétique,

25 et les ADNc et ARN correspondants.

Par acide nucléique homologue, on entendra un acide nucléique dont la séquence présente une homologie d'au moins 80 %, de préférence 90 %, avec les séquences nucléiques selon l'invention.

Par acide nucléique muté, on entendra tout acide nucléique codant pour un polypeptide variant selon l'invention, et tout acide nucléique comportant, par rapport

30 aux séquences SEQ ID N° 1 et SEQ ID N° 2, au moins une mutation dans les séquences promotrices et/ou régulatrices, lesquelles pourront avoir un effet sur l'expression du polypeptide notamment sur son taux d'expression et la tissu-spécificité de celle-ci. Les séquences présentant un polymorphisme présent chez l'être humain sont donc incluses

35 dans l'invention. Parmi ces polymorphismes, certains pourront conduire à des

déficiences immunitaires, de réponse aux infections, à des prédispositions et/ou au développement de cancers.

5 Par acide nucléique modifié, on entendra tout acide nucléique codant pour un polypeptide modifié selon l'invention, ou tout acide nucléique obtenu par mutagenèse selon des techniques bien connues de l'homme de l'art, et comportant des modifications par rapport aux séquences normales, notamment des mutations dans les séquences régulatrices et/ou promotrices, notamment conduisant à une modification du taux et/ou de la tissu-spécificité de l'expression du polypeptide.

10 La présente invention concerne l'ensemble des amorces et sondes, qui pourront être marquées selon des méthodes bien connues de l'homme du métier, permettant de mettre en évidence, notamment par des techniques basées sur l'hybridation ou sur l'amplification, par exemple par PCR, les séquences nucléiques selon l'invention, y compris de discriminer les séquences normales des séquences mutées.

15 Parmi les fragments d'acides nucléiques intéressants, il faut citer en particulier les oligonucléotides anti-sens, c'est-à-dire dont la structure assure, par hybridation avec la séquence cible, une inhibition de l'expression du produit correspondant. Il faut encore citer les oligonucléotides sens qui, par interaction avec des protéines impliquées dans la régulation de l'expression du produit correspondant, induiront soit une inhibition, soit une activation de cette expression.

20 Il pourra s'agir de séquences qui agissent aussi bien au niveau des séquences exoniques ou introniques décrites que sur les séquences flanquantes, notamment les promoteurs et/ou régions 5' UTR.

25 La présente invention concerne également des vecteurs de clonage ou d'expression comportant une séquence nucléotidique telle que décrite précédemment.

Ces vecteurs de clonage ou d'expression pourront comporter des éléments assurant l'expression de la séquence dans une cellule hôte, notamment des séquences promotrices et des séquences de régulation efficaces dans ladite cellule.

30 Le vecteur en cause pouvant être à répllication autonome ou bien destiné à assurer l'intégration de la séquence au sein des chromosomes de la cellule hôte.

Dans le cas de systèmes à répllication autonome, en fonction de la cellule hôte, procaryote ou eucaryote, on utilisera de préférence des systèmes de type plasmidique ou des systèmes viraux, les virus vecteurs pouvant être notamment des adénovirus (Perricaudet et al., 1992), des rétrovirus, des poxvirus ou des virus

herpétiques (Epstein et al., 1992). L'homme de métier connaît les technologies utilisables pour chacun de ces virus.

Ainsi, il est connu d'utiliser comme vecteur viral des virus défectifs dont la culture est effectuée dans des cellules de complémentation, ceci évitant les risques éventuels de prolifération d'un vecteur viral infectieux.

Lorsque l'on souhaitera l'intégration de la séquence dans les chromosomes de la cellule hôte, il sera nécessaire de prévoir de part et d'autre de la séquence nucléotidique à intégrer une ou plusieurs séquences provenant de la cellule hôte afin d'assurer la recombinaison. Il s'agit là également de procédés qui sont largement décrits dans la technique antérieure. On pourra, par exemple, utiliser des systèmes de type plasmidique ou viral ; de tels virus seront, par exemple, les rétrovirus (Temin, 1986) ou les AAV, Adenovirus Associated Virus (Carter, 1993).

L'invention concerne également les cellules procaryotes ou eucaryotes transformées par un vecteur tel que décrit précédemment et ceci afin d'assurer l'expression d'une défensine Def-X naturelle, normale ou variante, ou modifiée, ou bien, par exemple, d'un de ses fragments.

Comme cela a été indiqué précédemment, la présente invention concerne également les polypeptides obtenus par culture des cellules ainsi transformées et récupération de la protéine exprimée, ladite récupération pouvant être effectuée de façon intracellulaire ou bien de façon extracellulaire dans le milieu de culture lorsque le vecteur a été conçu pour assurer la sécrétion de la protéine par le biais, par exemple, d'une séquence "signal", le polypeptide étant sous forme d'un pré-polypeptide ou prépro-polypeptide. Les constructions permettant la sécrétion des polypeptides sont connues, aussi bien pour des systèmes procaryotes que des systèmes eucaryotes. Dans le cadre de la présente invention, certains des polypeptides Def-X pourront comporter leur propre système de sécrétion ou d'insertion membranaire.

Il est bien entendu que les polypeptides recombinants selon l'invention peuvent être obtenus sous forme glycosylée ou non glycosylée et présenter ou non la structure tertiaire naturelle.

Parmi les cellules utilisables pour la production de ces polypeptides, il faut citer bien entendu les cellules bactériennes (Olins et Lee, 1993), mais également les cellules de levure (Buckholz, 1993), de même que les cellules animales, en particulier les cultures de cellules de mammifère (Edwards et Aruffo, 1993) mais également les cellules d'insectes dans lesquelles on peut utiliser des procédés mettant en oeuvre des baculovirus par exemple (Luckow, 1993).

Les cellules ainsi obtenues peuvent permettre de préparer des polypeptides naturels, variants ou modifiés, Def-X, mais également des fragments de ces polypeptides, notamment des polypeptides pouvant correspondre aux fragments biologiquement actifs.

5 La présente invention concerne, en outre, les mêmes polypeptides selon l'invention mais obtenus par synthèse chimique et pouvant comporter des acides aminés non naturels ou modifiés.

Les polypeptides selon la présente invention, en particulier la défensine mature, de même que les homologues, dérivés ou polypeptides matures modifiés,
10 peuvent être obtenus par synthèse chimique et ce en utilisant l'une quelconque des nombreuses synthèses peptidiques connues, par exemple les techniques mettant en œuvre des phases solides ou des techniques utilisant des phases solides partielles, par condensation de fragments ou par une synthèse en solution classique.

Lorsque les composés selon la présente invention sont synthétisés par la
15 méthode en phase solide, l'acide aminé C-terminal est fixé sur un support solide inerte et comporte des groupes protecteurs de son groupement amino en alpha (et si cela est nécessaire, des protections sur ses groupes fonctionnels latéraux).

A la fin de cette étape, le groupe protecteur du groupement amino terminal est éliminé et on fixe le second acide aminé comportant lui aussi les protections
20 nécessaires.

Les groupes protecteurs N-terminaux sont éliminés après que chaque acide aminé a été fixé, par contre on maintient, bien entendu, la protection sur les chaînes latérales.

Lorsque la chaîne polypeptidique est complète, on clive le peptide de son
25 support et on élimine les groupes de protection latéraux.

La technique de synthèse en phase solide est décrite notamment dans Stewart et al. (1984) et Bodanszky (1984).

Il ne sera pas ici évoqué les détails de la synthèse, il convient simplement de rappeler que les groupes protecteurs préférés pour les groupements alpha-amino sont des
30 groupes protecteurs de type uréthane (BOC ou FMOC). Quant aux réactifs de couplage, ils sont très nombreux, parmi eux il faut bien entendu citer plus particulièrement la N,N'-diisopropyl-carbodiimine (DIC) mise en œuvre en général dans le DMF ou le DCM.

Lorsque l'on souhaitera utiliser des amino-acides non naturels, il pourra être nécessaire de prévoir d'autres types de réactif et en particulier d'autres types de système
35 de protection.

La présente invention concerne également les anticorps polyclonaux ou monoclonaux obtenus par réaction immunologique d'un organisme humain ou animal avec un agent immunogène constitué par un polypeptide selon l'invention, notamment un polypeptide obtenu par culture d'une des cellules précédemment décrites, ou par
5 synthèse chimique comme indiqué précédemment.

L'invention s'étend donc aux anticorps monoclonaux et polyclonaux ou un de leurs fragments, anticorps chimériques, capables de reconnaître spécifiquement un polypeptide selon l'invention.

L'invention comprend aussi les anticorps selon l'invention, caractérisés en ce
10 qu'ils sont marqués.

Les anticorps marqués pourront être, par exemple, immunoconjugués à des enzymes telles que la peroxydase ou la phosphatase alcaline, ou marqués à l'aide de composés fluorescents, de la biotine ou encore radiomarqués. Les techniques de marquage sont bien connues de l'homme du métier et ne seront pas développées dans la
15 présente description.

L'invention s'étend également à l'utilisation d'un polypeptide selon l'invention comme agent antimicrobien, notamment antibactérien, antifongique, antiviral et/ou antiparasitaire, comme agent cytotoxique, à visée notamment anticancéreuse, et/ou comme agent de modulation des processus d'inflammation, de réparation tissulaire et de
20 régulation endocrine, notamment corticostatique.

Selon un autre aspect, l'invention concerne une composition pharmaceutique comprenant un polypeptide selon l'invention, pouvant être associée à un véhicule pharmaceutiquement acceptable.

Une telle composition pourra être administrée par voie systémique, locale ou
25 topique.

Son mode d'administration, sa posologie, ses formes galéniques optimales pourront être déterminés selon les critères généralement pris en compte dans l'établissement d'un traitement adapté à un patient, notamment son âge, son poids corporel, la tolérance de traitement, ses effets secondaires constatés, etc..

L'invention comprend également une composition pharmaceutique comprenant un vecteur selon l'invention capable d'exprimer *in vivo* un polypeptide selon l'invention, pouvant être associé à un véhicule pharmaceutiquement acceptable.
30

Il est également possible de prévoir l'expression de polypeptides ou leurs fragments *in vivo*, notamment par le biais de la thérapie génique et en utilisant les
35 vecteurs qui ont été décrits précédemment.

Dans le cadre de la thérapie génique, il est possible également de prévoir l'utilisation des séquences des gènes ou des ADNc précédemment décrits, "nus", cette technique a notamment été développée par la société Vical, qui a montré qu'il était, dans ces conditions, possible d'exprimer le polypeptide dans certains tissus sans avoir recours
5 au support d'un vecteur viral notamment.

Toujours dans le cadre de la thérapie génique, il est également possible de prévoir l'utilisation de cellules transformées ex-vivo, lesquelles pourront être ensuite réimplantées, soit telles quelles, soit au sein de systèmes de type organoïde, tel que cela est également connu dans l'état de la technique (Danos et al. 1993). On peut également
10 envisager l'utilisation d'agents facilitant le ciblage d'un type cellulaire déterminé, la pénétration dans les cellules ou le transport vers le noyau.

Lesdites compositions pharmaceutiques sont, selon l'invention, destinées à la prévention et/ou au traitement des infections microbiennes, notamment les infections microbiennes d'origines bactériennes, de bactéries Gram-positives ou Gram-négatives, mycobactériennes, fongiques et virales, ou parasitaires, notamment de spirochètes.
15

Selon un mode préféré, l'invention concerne avantageusement les compositions pharmaceutiques selon l'invention caractérisées en ce que les infections virales sont des infections liées à des virus à enveloppe, notamment les virus HSV et HIV.

L'invention a également pour objet des compositions pharmaceutiques selon l'invention, destinées à la prévention et/ou au traitement des cancers, notamment les mélanomes, le cancer du foie, de la prostate, du poumon non à petites cellules ou le carcinome colorectal.
20

L'invention comprend, en outre, des compositions pharmaceutiques selon l'invention, destinées à augmenter les défenses immunitaires, à augmenter les défenses immunitaires en cas d'immunodéficience acquise ou à prévenir l'immunodéficience, notamment pour le traitement du psoriasis, ou à moduler les processus inflammatoires dans les cas notamment de maladies à inflammation chronique.
25

Les polypeptides selon la présente invention sont plus particulièrement utilisables sous forme topique externe, par exemple sur la peau et les muqueuses. Ces formes topiques externes peuvent être aussi bien à usage pharmaceutique, dermatologique qu'à usage cosmétique.
30

En particulier, ces compositions peuvent être utilisées comme agent antiseptique pharmaceutique ou bien comme antiseptique dans certains cosmétiques, soit

pour assurer un nettoyage de la peau ou des phanères et/ou à titre de conservateur des compositions.

Les compositions topiques selon la présente invention peuvent être utilisées notamment dans certaines affections cutanées, oculaires, vaginales ou buccales. Elles peuvent également être utilisées comme agent cosmétique additionnel, notamment dans certains shampoings traitants.

L'invention concerne également la mise en évidence de l'absence ou d'une quantité anormale de protéine ou d'acide nucléique correspondant à la défensine X comme marqueur d'une infection ou de pathologies qui seront décrites ci-après.

L'invention concerne également la mise en évidence d'une forme anormale de la protéine ou la présence d'un acide nucléique anormal correspondant à une défensine mutée qui peut éventuellement être totalement inactive. Dans ce cas, la présence de cette forme anormale peut être un marqueur de prédisposition à certaines affections, notamment l'immunodéficience et/ou des cancers.

C'est pourquoi, la présente invention concerne une méthode de diagnostic d'une immunodéficience et/ou d'une prédisposition à certains types de cancers, caractérisée en ce qu'on met en évidence dans un prélèvement de patient la présence d'une défensine anormale et/ou d'une séquence codant pour une défensine anormale.

Les méthodes de diagnostic selon la présente invention permettent, notamment, la mise en évidence d'une immunodéficience, et/ou d'une prédisposition à un ou des cancers, notamment ceux cités précédemment, en particulier dans des familles à risque. Ce type de diagnostic sera en général effectué par mise en évidence des formes mutées de la protéine ou des séquences d'acide nucléique.

Mais l'invention concerne également des méthodes de diagnostic de l'inflammation, d'immunodéficience, de prédisposition à des affections de type cancer et/ou d'infections dues à des microorganismes ou liées à un déficit immunitaire ou phénomène inflammatoire, caractérisées en ce qu'elles comprennent le dosage d'un polypeptide ou d'un acide nucléique selon l'invention dans un échantillon biologique et la comparaison du résultat dudit dosage obtenu avec la quantité de polypeptide ou d'acide nucléique présente normalement dans un échantillon biologique équivalent.

Dans ce cas, le dosage peptidique permettra, en général, une détection d'une infection microbienne ou parasitaire et/ou d'une inflammation. Les dosages peptidiques peuvent être réalisés par tout procédé connu, ELISA ou RIA par exemple. La mise en évidence d'une forme anormale de la défensine-X peut être réalisée, par exemple, à

l'aide d'un anticorps monoclonal spécifique de cette forme, en particulier les anticorps objet de l'invention.

Selon un mode de réalisation préféré, l'invention comprend avantageusement les méthodes caractérisées en ce qu'elles mettent en œuvre une sonde et/ou une amorce
5 oligonucléotidique selon l'invention.

On préférera en général les méthodes dans lesquelles tout ou partie de la séquence correspondant au polypeptide Def-X est amplifiée préalablement par dosage d'acide nucléique selon l'invention, ces méthodes d'amplification pouvant être réalisées par des méthodes dites PCR ou PCR-like. Par PCR-like on entendra désigner toutes les
10 méthodes mettant en œuvre des reproductions directes ou indirectes des séquences d'acides nucléiques, ou bien dans lesquelles les systèmes de marquage ont été amplifiés, ces techniques sont bien entendu connues, en général il s'agit de l'amplification de l'ADN par une polymérase ; lorsque l'échantillon d'origine est un ARN il convient préalablement d'effectuer une transcription reverse. Il existe actuellement de très
15 nombreux procédés permettant cette amplification, par exemple les méthodes dites NASBA "Nucleic Acid Sequence Based Amplification" (Compton 1991), TAS "Transcription based Amplification System" (Guatelli et al. 1990), LCR "Ligase Chain Reaction" (Landegren et al. 1988), "Endo Run Amplification" (ERA), "Cycling Probe Reaction" (CPR), et SDA "Strand Displacement Amplification" (Walker et al. 1992),
20 bien connues de l'homme du métier.

L'invention concerne en outre des kits ou nécessaires de diagnostic pour la détermination d'une infection microbienne ou parasitaire, d'une inflammation, d'une immunodéficience et/ou d'une prédisposition à des affections de type cancer, caractérisés en ce qu'ils comprennent un anticorps selon l'invention.

25 Les kits ou nécessaires de diagnostic pour la détermination d'une infection microbienne ou parasitaire, d'une inflammation, d'une immunodéficience et/ou de prédisposition à des affections de type cancer, caractérisés en ce qu'ils comprennent une sonde et/ou une amorce selon l'invention font également partie de l'invention.

L'invention a, enfin, pour objet l'utilisation de polypeptide selon l'invention
30 comme pesticide, notamment pour la culture de végétaux d'intérêt industriel comme, par exemple, les plantes vivrières telles que le maïs, le blé, le soja, le riz ou le colza, les plantes fourragères, les arbres fruitiers, la vigne ou les plantes ornementales.

D'autres caractéristiques et avantages de la présente invention apparaîtront à la lecture des exemples ci-après, illustrés par les figures dont les légendes sont décrites
35 ci-dessous.

Légendes des figuresFigure 1

Séquence génomique de hDef-X.

Est présentée la totalité de la séquence d'ADN génomique de hDef-X qui présente une
5 homologie significative avec le gène codant pour hDef-4 (HNP-4).

La séquence présente les sites suivants, dont la présence est déduite par homologie avec la séquence hDef-4 :

	• CAAT box	1711-1714
	• TATA box	1758-1767
10	• mRNA start	1836
	• exon 1	1836-1874
	• site d'épissage 1	GTCAGT
	• insertion Alu	2155-2335
	• insertion fragment de L1	2710-2780
15	• site d'épissage 2	CAG
	• exon 2	3394-3577
	• début de phase codante	3406
	• site d'épissage 3	GTGAGA
	• site d'épissage 4	CAG
20	• exon 3	4164-4379
	• fin de phase codante	4276
	• site de polyadénylation	4374-4379.

Figure 2

Alignement des séquences génomiques des défensines humaines Def-X et Def-4 (HNP-
25 4).

Alignement de la totalité de la séquence d'ADN génomique de la nouvelle défensine Def-X présentant une homologie avec l'ADN génomique de hDef-4 (GenBank accession number U18745).

Les annotations présentent les positions sur la séquence de hDef-4 des signaux CAAT
30 box, TATA box, sites d'épissage, débuts et fins d'introns/d'exons, début de transcription, site de polyadénylation.

Figure 3

Alignement des séquences d'ADNc de hDef-4 (HNP-4) et hDef-X.

Les séquences présentent une homologie globale de 61,4 %. L'alignement révèle une
35 insertion d'environ 75 bases en aval du codon STOP, présentes sur la séquence de hDef-

4, mais non sur celle de hDef-X ; l'homologie forte reprend sur toute la région comprise entre l'extrémité de cette insertion et celle de l'ADNc. En dehors de cette région d'insertion, le degré d'homologie entre séquences nucléiques est donc remarquable.

Figure 4

5 Séquence peptidique de la protéine hDef-X.

La position des sites de clivage du signal peptide et de la région pro ont été déduites de l'alignement des séquences peptidiques de hDef-4 et hDef-X.

Figure 5

10 Alignement des séquences peptidiques des défensines humaines connues hDef-1, hDef-4, hDef-5, et hDef-6 avec hDef-X.

- * L'étoile indique un acide aminé conservé sur les cinq séquences.
 - Le point indique un acide aminé dont la classe est conservée sur les cinq séquences (acide aminé soit identique, soit faisant l'objet d'une substitution conservative).
 - ^ six flèches indiquent les positions des six cystéines conservées au travers de la
- 15 classe des défensines classiques et responsables de la structure tridimensionnelle nécessaire à l'activité de ces peptides.

EXEMPLES

20 Exemple 1 : Identification du gène codant pour hDef-X

Isolement du BAC B0725B12

Afin d'analyser la région 8p23 du génome humain, notamment dans la région connue comme portant des gènes codant pour des défensines humaines, on a isolé un BAC ("Bacterial Artificial Chromosome") correspondant à ladite région. Une banque

25 de BACs couvrant le génome humain complet a été préparée à partir de l'ADN d'une lignée lymphoblastique humaine dérivée de l'individu n° 8445 des familles du CEPH. Cette lignée a été utilisée comme source d'ADN de haut poids moléculaire. L'ADN a été partiellement digéré par l'enzyme de restriction BamH1, puis cloné au site BamH1 du plasmide pBeloBacII. Les clones ainsi obtenus ont été "poolés" et criblés selon une

30 procédure d'analyse tridimensionnelle précédemment décrite pour le criblage des banques de YACs ("Yeast Artificial Chromosome") (Chumakov et al., 1992 et 1995). Les pools tridimensionnels obtenus ont été criblés par PCR à l'aide des amorces encadrant le marqueur SHGC-10793, pour Neutrophil defensin 4 precursor (GeneBank : numéro d'accession U18745) ; un clone du BAC B0725 B12 a été ainsi isolé.

Après digestion par l'enzyme de restriction NotI, la taille de l'insert porté par ce BAC a été déterminée sur un gel d'agarose 0,8 % après migration par électrophorèse en champ alterné (CHEF) (4 heures à 9Volts/cm, avec un angle de 100°, à 11°C en tampon 0,5 x TAE). On a ainsi mis en évidence que le BAC B0725B12 porte un insert

5 de 220 kb, avec un site interne pour l'enzyme NotI.

Localisation chromosomique du BAC B0725B12 par hybridation in situ fluorescente (FISH)

La localisation chromosomique du BAC dans la région candidate 8p23.1-23.2 a été confirmée par hybridation in situ fluorescente (FISH) sur chromosomes

10 métaphasiques, selon la méthode décrite par Cherif et al., (1990).

Séquençage de l'insert du BAC B0725B12

Afin de séquencer l'insert du BAC B0725B12, on a préparé une banque de sous-clones à partir de l'ADN soniqué de ce BAC.

Les cellules issues d'un litre de culture "overnight" ont été traitées par lyse

15 alcaline selon les techniques classiques. Après centrifugation du produit obtenu dans un gradient de chlorure de césium, 12 µg d'ADN du BAC B0725B12 ont été purifiés. 3 µg d'ADN ont été soniqués afin d'obtenir des fragments dont les tailles se distribuent uniformément de 1,2 kb à 1,5 kb. Les fragments obtenus ont été traités dans un volume de 50 µl avec 2 unités de Vent polymérase pendant 20 minutes à 70°C, en présence des 4

20 déoxytriphosphates (100 µM). Les fragments aux extrémités franches résultant de cette étape ont été séparés par électrophorèse en gel 1 % d'agarose à bas point de fusion (60 Volts pendant 3 heures). Les fragments groupés selon leurs tailles ont été excisés et les bandes obtenues traitées par l'agarose. Après extraction au chloroforme et dialyse sur colonnes Microcon 100, l'ADN en solution a été ajusté à une concentration de 100 ng/µl.

25 Une ligation a été effectuée "overnight" en mettant en présence 100 ng de l'ADN fragmenté du BAC B0725B12 et 20 ng d'ADN du vecteur BluescriptSK linéarisé par digestion enzymatique, et traité par la phosphatase alcaline. Cette réaction a été réalisée dans un volume final de 10 µl en présence de 40 unités/µl de T4 ADN ligase (New England Biolabs). Les produits de ligation ont ensuite servi à transformer par

30 électroporation, soit une souche XL-Blue (pour les plasmides multicopies), soit une souche D10HB (pour les sous-clones issus du BAC). Les clones lacZ⁻ résistant à l'antibiotique ont été repiqués individuellement en microplaques pour stockage et séquençage.

On a ainsi obtenu 960 sous-clones correspondant à l'insertion de fragments

35 de 1,2 kb à 1,5 kb au site BamHI (rendu franc) du plasmide BluescriptSK.

Les inserts de ces sous-clones ont été amplifiés par PCR sur cultures bactériennes conduites "overnight", en utilisant les amorces des vecteurs flanquant les insertions. La séquence des extrémités de ces inserts (en moyenne 500 bases de chaque côté) a été déterminée par séquençage automatique fluorescent sur séquenceur ABI 377, 5 équipé du logiciel ABI Prism DNA Sequencing Analysis (version 2.1.2).

Les fragments de séquence provenant des sous-BACs ont été assemblés par le logiciel Gap4 de R. Staden (Bonfield et al., 1995). Ce logiciel permet la reconstruction d'une séquence complète à partir de fragments de séquences. La séquence déduite de l'alignement des différents fragments est la séquence consensus.

10 On a enfin utilisé des techniques de séquençage dirigé (marche systématique de l'amorce) pour parfaire les séquences et relier les contigs.

Analyse des séquences pour l'identification de gènes

Les exons potentiels de l'insert du BAC B0725B12 ont été repérés par recherche d'homologie sur les banques publiques de protéines, d'acides nucléiques et 15 d'EST (Expressed Sequence Tags).

Banques de données

On a utilisé des refontes locales des principales banques publiques. La banque de protéines utilisées est constituée par la fusion non redondante des banques 20 Genpept (traduction automatique de GenBank, NCBI ; Benson et al., 1996) ; Swissprot (George et al., 1996) et PIR/NBRF (Bairoch et al., 1996). Les doublons ont été éliminés par le logiciel "nrdb" (domaine public, NCBI ; Benson et al., 1996). Les répétitions internes ont ensuite été masquées par le logiciel "xnu" (domaine public, NCBI ; Benson et al., 1996). La banque résultante, dénommée NRPU (Non-Redundant Protein-Unique) 25 a servi de référence pour les recherches d'homologies protéiques. Les homologies trouvées avec cette banque ont permis de localiser des régions codant potentiellement pour un fragment de protéine au moins apparenté à une protéine connue (exons codants). La banque d'EST utilisée est composée des sous-sections "gbest" (1-9) de Genbank (NCBI ; Benson et al., 1996). Elle contient tous les fragments de transcrits publics.

30 Les homologies trouvées avec cette banque ont permis de localiser des régions potentiellement transcrites (présentes sur l'ARN messager).

La banque d'acides nucléiques (autres que les EST) utilisée contient toutes autres sous-sections de Genbank et de l'EMBL (Rodriguez-Tome et al., 1996) dont les doublons ont été éliminés comme précédemment.

Logiciels

On a utilisé l'ensemble de logiciels BLAST (Altschul et al., 1990) de recherche d'homologies entre une séquence et des banques de données protéiques ou nucléiques. Les seuils de signification utilisés dépendent de la longueur et de la complexité de la région testée ainsi que de la taille de la banque de référence. Ils ont été ajustés et adaptés à chaque analyse.

Exemple 2 : analyse des séquences nucléiques et peptidiques de hDef-X**Structure du gène codant pour hDef-X**

L'alignement du gène codant pour hDef-X avec ceux codant pour les défensines connues a permis de noter une homologie maximale entre hDef-X et hDef-4 (Figure 2). Le taux global d'homologie des deux séquences nucléiques est de 72 %. Les deux seules régions de l'ADN génomique de hDef-X ne présentant pas d'homologie avec celui de hDef-4 correspondent à deux zones d'insertion de séquence répétée dans la séquence de hDef-X, qui sont absentes sur la séquence de hDef-4 : un élément de type Alu (positions 2155 à 2335) et un fragment d'élément de Line 1 (positions 2710 à 2780).

On note une conservation importante de la région flanquant en 5' la région promotrice, d'où découle probablement une conservation importante des éléments de régulation de la stabilité du messager et de l'expression du gène.

La forte conservation de la séquence de l'exon 1, non traduit, permet de rattacher définitivement la défensine hDef-X à la classe des défensines classiques hématopoïétiques, soit hDef-1, 2, 3 et 4, par opposition aux défensines entériques hDef-5 et 6, dont la séquence génomique ne comporte que deux exons, tous deux codants.

L'alignement des ADNc de hDef-4 et hDef-X, indiquant une homologie supérieure à 60 %, est présenté Figure 3.

Analyse protéique

La séquence peptidique de la défensine selon l'invention est représentée Figure 4. Les trois domaines de la protéine sont positionnés comme suit :

- peptide signal : aa 1-19
- région pro : aa 20-63
- peptide mature : aa 64-94.

Les degrés d'homologies spécifiques entre hDef-4 et hDef-X ont été calculés, selon la région de la protéine concernée :

- peptide signal : 63,2 %

- région pro : 52,3 %
- peptide mature : 37,9 %.

5 L'homologie globale est de 49,5 %. Ces chiffres confirment la très forte homologie qui existe entre défensines, homologie maximale au niveau des peptides signaux et minimale au niveau des peptides matures.

On retrouve dans la séquence protéique primaire de Def-X les acides aminés conservés dans la classe des défensines classiques, notamment les six cystéines impliquées dans la structure tridimensionnelle de celles-ci (Figure 5).

10 Afin de prédire les structures secondaires présentes sur la défensine selon l'invention, on a utilisé les logiciels de prédiction de structure secondaire inclus dans le Protein Interpretation Package, Copyright MRC 1994, Medical Research Council, Hillsroad, Cambridge, United Kingdom.

15 Ces logiciels ont notamment permis de comparer les structures prédites de Def-X et HNP-4. Profils d'hydrophobicité, structures en alpha-hélices, feuillets β , amphiphilicité sont superposables dans les deux peptides, ce qui suggère des processus analogues d'insertion membranaire et de formation de canaux ioniques multimériques pour ces deux défensines.

Exemple 3 : Recherche de mutations associées à des cas familiaux de cancers

20 Extraction de l'ADN génomique

L'ADN génomique de patients immunodéficients ou atteints de cancer, est extrait du sang veineux périphérique après lyse cellulaire, digestion protéique, partition organique et finalement précipitation alcoolique, selon des techniques classiques bien connues de l'homme de l'art.

25 Il est notamment intéressant d'étudier la présence de mutations dans l'ADN génomique d'individus issus de familles à fort taux cancer, tous types de cancers confondus. Une déficience dans un gène de défensine de granulocyte, tel hDef-X peut en effet avoir un rôle dans la prédisposition aux cancers, comme mentionné précédemment.

Amplification de l'ADN génomique

30 Des amorces oligonucléotidiques sont utilisées pour l'amplification génomique des séquences exoniques dérivées du BAC B0725B12 ; elles sont prédites par analyse informatique, et définies à l'aide du logiciel OSP (Hillier et al., 1991).

Toutes ces amorces contiennent, en amont des bases spécifiquement ciblées par l'amplification, une queue oligonucléotidique universelle commune, destinée à
35 permettre le séquençage des fragments amplifiés (PU : 5'-

TGTAACGACGGCCAGT-3' pour les amorces en amont, et RP : 5'-CAGGAAACAGCTATGACC-3' pour les amorces en aval).

Les amorces oligonucléotidiques sont synthétisées selon la méthode des phosphoramidites, sur un synthétiseur GENSET UFPS 24.1.

5 L'amplification de chaque séquence exonique prédite est réalisée par réaction d'amplification en chaîne par polymérase (PCR), dans les conditions suivantes :

Volume final.	50 µl
ADN génomique	100 ng
MgCl ₂	2 mM
10 dNTP (pour chacun)	200 µM
Amorce (pour chacune)	7.5 pmoles
AmpliTaq Gold DNA polymerase (Perkin)	1 unité
Tampon de PCR (10X = 0.1 M Tris HCl pH 8.3, 0.5 M KCl)	1 X.

15 L'amplification est réalisée dans un thermocycleur Perkin Elmer 9600 ou MJ Research PTC200 avec couvercle chauffant. Après un chauffage à 94°C pendant 10 minutes, 35 cycles sont effectués. Chaque cycle comprend : 30 secondes à 94°C, 1 minute à 55°C et 30 secondes à 72°C. Un segment final d'élongation de 7 minutes à 72°C termine l'amplification.

20 La quantité de produits d'amplification obtenue est déterminée sur microplaque de 96 puits, par fluorométrie, utilisant l'agent intercalant Picogreen (Molecular Probes).

Détection des polymorphismes/mutations

25 Les produits de l'amplification génomique par PCR sont séquencés sur séquenceur automatique ABI 377, en utilisant des amorces fluorescentes marquées par les fluorochromes ABI (Joe, Fam, Rox et Tamra) et l'ADN polymérase Thermosequanase (Amersham).

Les réactions sont réalisées en microplaques de 96 puits, sur thermocycleur Perkin Elmer 9600, dans des conditions classiques de cycles de température :

- 8 cycles : dénaturation : 5 sec. à 94°C ; hybridation : 10 sec. ; élongation : 30 sec. à 30 72°C, puis
- 13 cycles : dénaturation : 5 sec. à 94°C ; élongation : 30 sec. à 72°C.

6 unités de Thermosequanase, et 5-25 ng de produit d'amplification sont utilisés par réaction de séquence.

35 A l'issue des cycles d'amplification, les produits des réactions de séquence sont précipités dans l'éthanol, resuspendus dans du tampon de charge contenant de la

formamide, dénaturés, et déposés sur gels d'acrylamide 4 % ; les électrophorèses (2 heures 30 à 3 000 Volts) sont conduites sur séquenceurs ABI 377 équipés des logiciels ABI de collection et d'analyse (ABI Prism DNA Sequencing Analysis Software, version 2.1.2.).

- 5 Les séquences obtenues chez des patients atteints des déficiences étudiées, notamment chez des patients issus de familles à forte prédisposition aux cancers, sont comparées aux séquences obtenues chez des sujets contrôles, apparentés et non apparentés. Une analyse statistique (calcul de lod score) permet de conclure quant à la signification de la présence d'un site d'hétérozygotie et à son association avec une
- 10 prédisposition aux cancers.

Exemple 4 : Recherche de mutations ponctuelles

- Les mutations ponctuelles identifiées comme indiqué ci-dessus, peuvent ensuite être mises en évidence chez des sujets présentant une potentielle déficience dans
- 15 le gène codant pour hDef-X, selon de nombreuses méthodes connues de l'homme de l'art. Parmi celles-ci, on peut citer la liste non exhaustive suivante :
- séquençage
 - « single nucleotide primer extension » (Syvanen et al., 1990)
 - RFLP
 - 20 • recherche de « single strand conformation polymorphism »
 - méthodes basées sur un clivage des régions misappariées (clivage enzymatique par la S1 nucléase, clivage chimique par différents composés tels que la pipéridine ou le tétraxide d'osmium)
 - mise en évidence d'hétéroduplex en électrophorèse
 - 25 • méthodes basées sur l'utilisation d'« allele specific oligonucleotide » (ASO, Stoneking et al., 1991)
 - méthode OLA (« dual color oligonucleotide ligation assay, Samiotaki et al., 1994)
 - méthode ARMS (« amplification refractory mutation system »), ou ASA (« allele specific amplification »), ou PASA (« PCR amplification of specific allele ») (Wu et
 - 30 al., 1989).

REFERENCES

- Altschul, Stephen F., Gish W., Miller W., Myers E. W., & Lipman D.J. Basic local alignment search tool. *J. Mol. Biol.* 215:403-10 (1990).
- 5 Bairoch A. & Apweiler R. The SWISS-PROT protein sequence data bank and its new supplement TREMBL. *Nucleic Acids Res.* 24: 21-25 (1996).
- 10 Becker S.A., Zou, Y.Z. & Slagle, B.L. Frequent loss of chromosome 8p in hepatitis B virus-positive hepatocellular carcinomas from China. *Cancer Res.* 56 (21) : 5092-7 (1996).
- 15 Benson D. A., Boguski M., Lipman D. J. & Ostell J. GenBank. *Nucleic Acids Res.* 24: 1-5 (1996).
- Bodansky M., Principles of peptide synthesis, (1984).
- 20 Bevins, C.L., Jones, D.E., Dutra, A., Schaffzin, J. & Muenke, M. Human enteric defensin genes : chromosomal map position and a model for possible evolutionary relationships. *Genomics* 31 : 95-106 (1996).
- Bonfield J. K., Smith K. F. & Staden R. A new DNA sequence assembly program. *Nucleic Acids Res.* 23 : 4992-9 (1995).
- 25 Buckholz R.G. Yeast Systems for the Expression of Heterologous Gene Products. *Curr. Op. Biotechnology* 4: 538-542 (1993).
- Carter B.J. Adeno-Associated virus vectors. *Curr. Op. Biotechnology* 3: 533-539 (1993).
- 30 Cherif D., Julier C., Delattre O., Derré J., Lathrop G.M., & Berger R. : Simultaneous localization of cosmids and chromosome R-banding by fluorescence microscopy - Applications to regional mapping of chromosome 11. *Proc.Natl.Acad.Sci. USA.* 87 : 6639-6643 (1990).

- Chumakov I., Rigault P., Guillou S., Ougen P., Billault A., Guasconi G., Gervy P., Le Gall I., Soularue P., Grinas P. et al. Continuum of overlapping clones spanning the entire human chromosome 21q. *Nature* 359: 380-386 (1992).
- 5 Chumakov I.M., Rignault P., Le Gall I. et al. A YAC contig map of the human genome. *Nature* 377 suppl : 175-183 (1995).
- Compton J. Nucleic Acid Sequence-Based Amplification. *Nature* 350: 91-92 (1991).
- 10 Danos O., Moullier P. & Heard J.M. Réimplantation de cellules génétiquement modifiées dans des néo-organes vascularisés. *Médecine/Sciences* 9:62-64 (1993).
- Edwards C.P. et Aruffo A. Current applications of COS cell based transient expression systems. *Curr. Op. Biotechnology* 4: 558-563 (1993).
- 15 Epstein A. : Les vecteurs herpétiques pour le transfert de gènes - *Médecine/Sciences* 8: 902-911 (1992).
- Ganz T. & Lehrer R.I. Defensins. *Curr. Op. Immunology*. 6 : 584-9 (1994).
- 20 Ganz T. & Lehrer R.I. Defensins. *Pharmac. Ther.* Vol. 66 : 191-205 (1995).
- George D. G., Barker W. C., Mewes H. W, Pfeiffer F. & Tsugita A. The PIR-International Protein Sequence Database. *Nucleic Acids Res.* 24: 17-20 (1996).
- 25 Guatelli J.C. et al. Isothermal in vitro amplification of nucleic acids by a multienzyme reaction modeled after retroviral replication. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 87: 1874-1878 (1990).
- 30 Hillier L. & Green P. OSP : a computer program for choosing PCR and DNA sequencing primers. *PCR Methods Appl.* 1: 124-8 (1991).
- Ichikawa, T., Nihei, N., Kuramochi, H., Kawana, Y., Killary, A.M., Rinker-Schaeffer, C.W., Barrett, J.C., Isaacs, J.T., Kugoh, H., Oshimura, M. & Shimazaki, J. Metastasis suppressor genes for prostate cancer. *Prostate Suppl.* 6 : 31-35 (1996).
- 35

- Kagan, B.L., Ganz, T. & Lehrer, R.I. Defensins : a family of antimicrobial and cytotoxic peptides. *Toxicology* 87 : 131-149 (1994).
- Landegren U., Kaiser R., Sanders J. & Hood L.A ligase-mediated gene detection
5 technique. *Science* 241: 1077-1080.(1988).
- Lehrer & Ganz. Defensins : endogenous antibiotic peptides from human leukocytes. *Ciba Found. Sympo.* 171 : 276-290 (1992).
- 10 Luckow V.A. Baculovirus systems for the expression of human gene products. *Curr. Op. Biotechnology* 4: 564-572 (1993).
- Mallow, E.B., Harris, A., Salzman, N., Russel, J.P., DeBerardinis, R.J., Ruchelli, E., & Bevens, C.L. Human enteric defensins. Gene structure and developmental expression. *J.*
15 *Biol. Chem.* 271 (8) : 4038-4045 (1996).
- Martin, E., Ganz, T. & Lehrer, R.I. Defensins and other endogenous peptide antibiotics of vertebrates. *J. Leukocyte Biol.* 58 : 128-136 (1995).
- 20 Olins P.O. et Lee S.C. Recent advances in heterologous gene expression in *E. coli*. *Curr. Op. Biotechnology* 4: 520-525 (1993).
- Perricaudet M., Stratford-Perricaudet L., & Briand P. : La thérapie génique par adénovirus - *La Recherche* 23: 471-473 (1992).
- 25 Rodriguez-Tome P., Stoehr P. J., Cameron G. N., & Flores T. P. The European Bioinformatics Institute (EBI) databases. *Nucleic Acids Res.* 24: 6-12 (1996).
- Samiotaki M., Kwiatkowski M., Parik J., & Landegren U. Dual-color detection of DNA
30 sequence variants through ligase-mediated analysis. *Genomics* 20: 238-242 (1994).
- Sparkes, R.S., Kronenberg, M., Heinzmann, C., Daher, K.A., Klisak, I., Ganz, T. & Mohandas, T. Assignment of defensin gene(s) to human chromosome 8p23. *Genomics* 5
(2) : 240-4 (1989).

- Stewart, J.M. et Yound, J.D. Solid Phase Peptides Synthesis. Pierce Chem. Company, Rockford, 111, 2ème éd., (1984).
- 5 Stoneking M., Hedgecock D., Higuchi R.G., Vigilant L., & Erlich H.A. Population variation of human DNA control region sequences by enzymatic amplification and sequence-specific oligonucleotide probes. *Am. J. Hum. Genet.* 48: 370-382 (1991).
- 10 Sundareshan, T.S. & Augustus, M. Cytogenetics of non-small cell lung cancer : simple technique for obtaining high quality chromosomes by fine needle aspirate cultures. *Cancer Genet. Cytogenet.* 91 (1) : 53-60 (1996).
- 15 Syvänen A.C., Aalto-Setälä K., Harju L., Kontula K. & Söderlund H. A primer-guided nucleotide incorporation assay in the genotyping of Apo E. *Genomics* 8 : 684-692 (1990).
- Temin H.M. : Retrovirus vectors for gene transfer. In Kucherlapati R., ed. *Gene Transfer*, New York, Plenum Press, 149-187 (1986).
- 20 Walker G.T., Fraiser M.S., Schram J.L., Little M.C., Nadeau J.G., & Malinowski D.P. Strand displacement amplification : an isothermal in vitro DNA amplification technique. *Nucleic Acids Res.* 20: 1691-1696 (1992).
- 25 White, S.H., Wimley, W.C. & Selsted, M.E. Structure, function, and membrane integration of defensins. *Curr. Op. Structural Biology.* 5 : 521-527 (1995).
- Wu D.Y., Ugozzoli L., Pal B.K. & Wallace R.B. Allele-specific amplification of β -globin genomic DNA for diagnosis of sickle cell anemia. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 86 : 2757-2760 (1989).
- 30 Yaremko, M.L., Wasylyshyn, M.L., Paulus, K.L., Michelassi, F. & Westbrook, C.A. Deletion mapping reveals two regions of chromosome 8 allele loss in colorectal carcinomas. *Genes Chromosomes Cancer.* 10 (1) : 1-6 (1994).

REVENDICATIONS

1) Polypeptide isolé choisi parmi les polypeptides suivants :

- a) polypeptide dont la séquence d'acides aminés est la séquence SEQ ID N° 3 ;
- 5 b) polypeptide homologue, variant ou modifié du polypeptide dont la séquence d'acides aminés est la séquence SEQ ID N° 3 ;
- c) polypeptide dont la séquence d'acides aminés est la séquence d'acides aminés d'un fragment biologiquement actif d'un polypeptide tel que défini en a) ou b) ;
- d) polypeptide comprenant au moins un fragment tel que défini en c).

10 2) Polypeptide selon la revendication 1, caractérisé en ce qu'il est constitué de l'un au moins des fragments suivants :

- a) peptide signal dont la séquence d'acides aminés est la séquence SEQ ID N° 4 ;
- b) région pro dont la séquence d'acides aminés est la séquence SEQ ID N° 5 ;
- c) peptide mature dont la séquence d'acides aminés est la séquence SEQ ID N° 6 ; ou
- 15 d) fragment homologue, variant ou modifié d'un peptide selon a), b) ou c).

3) Polypeptide dont la séquence d'acides aminés est la séquence SEQ ID N° 6, ses homologues, variants ou formes modifiées ainsi que leurs fragments biologiquement actifs et les polypeptides les contenant.

20 4) Acide nucléique codant pour un polypeptide selon l'une des revendications 1 à 3.

5) Acide nucléique choisi parmi les acides nucléiques suivants :

- a) acide nucléique de séquence SEQ ID N° 1 ;
- b) acide nucléique de séquence SEQ ID N° 2 ;
- c) acide nucléique équivalent, homologue, muté ou modifié, par rapport aux acides
- 25 nucléiques selon a) ou b) ;
- d) fragment des séquences a), b) ou c) ayant au moins dix bases ;
- e) acide nucléique capable de s'hybrider avec l'une des séquences telles que définies en a), b), c) ou d).

30 6) Vecteur de clonage ou d'expression dans une cellule hôte appropriée d'une séquence nucléotidique, caractérisé en ce qu'il comporte une séquence selon l'une des revendications 4 et 5.

7) Vecteur selon la revendication 6, caractérisé en ce qu'il comporte les éléments assurant l'expression de ladite séquence dans ladite cellule hôte.

8) Cellule transformée par un vecteur selon l'une des revendications 6 et 7.

9) Cellule selon la revendication 8, caractérisée en ce qu'il s'agit d'une cellule procaryote.

10) Cellule selon la revendication 8, caractérisée en ce qu'il s'agit d'une cellule eucaryote.

5 11) Procédé de production d'un polypeptide selon l'une des revendications 1 à 3, caractérisé en ce qu'on cultive une cellule selon l'une des revendications 8 à 10 et en ce que l'on récupère le polypeptide produit.

12) Polypeptide susceptible d'être obtenu par la mise en œuvre du procédé selon la revendication 11.

10 13) Polypeptide selon l'une des revendications 1 à 3, caractérisé en ce qu'il est obtenu par synthèse chimique.

14) Anticorps monoclonal ou polyclonal ou un de leurs fragments, anticorps chimériques, caractérisé en ce qu'il est capable de reconnaître spécifiquement un polypeptide selon l'une des revendications 1 à 3, 12 et 13.

15 15) Anticorps selon la revendication 14, caractérisé en ce qu'il est marqué.

16) Sonde ou amorce oligonucléotidique, caractérisée en ce qu'elle est constituée d'un acide nucléique selon l'une des revendications 4 et 5.

17) Sonde selon la revendication 16, caractérisée en ce qu'elle est marquée.

20 18) Utilisation d'un polypeptide selon l'une des revendications 1 à 3, 12 et 13 comme agent antimicrobien et/ou antiparasitaire.

19) Utilisation d'un polypeptide selon l'une des revendications 1 à 3, 12 et 13 comme agent cytotoxique, notamment à visée anticancéreuse.

25 20) Utilisation d'un polypeptide selon l'une des revendications 1 à 3, 12 et 13 comme agent de modulation des processus de l'inflammation, de réparation tissulaire et de régulation endocrine, notamment corticostatique.

21) Composition pour usage topique externe, caractérisée en ce qu'elle comporte au moins un polypeptide selon l'une des revendications 1 à 3, 12 et 13.

22) Composition selon la revendication 21, caractérisée en ce qu'il s'agit d'une composition cosmétique.

30 23) Composition pharmaceutique comprenant un polypeptide selon l'une des revendications 1 à 3 et 12 et 13.

24) Composition pharmaceutique comprenant un vecteur selon l'une des revendications 6 et 7, capable d'exprimer *in vivo* un polypeptide selon l'une des revendications 1 à 3.

25) Composition pharmaceutique selon l'une des revendications 21, 23 et 24, caractérisée en ce qu'elle comprend un véhicule pharmaceutiquement acceptable.

26) Composition pharmaceutique selon l'une des revendications 21, 23 à 25, destinée à la prévention et/ou au traitement des infections microbiennes ou parasitaires.

5 27) Composition pharmaceutique selon la revendication 26, caractérisée en ce que les infections microbiennes ou parasitaires sont des infections d'origines bactériennes, de bactéries Gram-positives ou Gram-négatives, mycobactériennes, fongiques, ou liées à des spirochètes.

10 28) Composition pharmaceutique selon la revendication 26, caractérisée en ce que les infections virales sont des infections liées à des virus à enveloppe, notamment les virus HSV et HIV.

29) Composition pharmaceutique selon l'une des revendications 21, 23 à 25, destinée à la prévention et/ou au traitement de cancers, notamment les mélanomes.

15 30) Composition pharmaceutique selon la revendication 29, caractérisée en ce que le cancer est le cancer du foie, de la prostate, du poumon non à petites cellules ou le carcinome colorectal.

20 31) Composition pharmaceutique selon l'une des revendications 21, 23 à 25, destinée à augmenter les défenses immunitaires, à augmenter les défenses immunitaires en cas d'immunodéficience acquise ou à prévenir l'immunodéficience, notamment pour le traitement du psoriasis.

32) Composition pharmaceutique selon l'une des revendications 21, 23 à 25, destinée à moduler les processus inflammatoires, notamment dans les cas de maladies à inflammation chronique.

25 33) Méthode de diagnostic d'une immunodéficience et/ou d'une prédisposition à des affections de type cancer, caractérisée en ce qu'on met en évidence dans un prélèvement de patient la présence d'une défensine anormale et/ou d'une séquence codant pour une défensine anormale.

30 34) Méthode de diagnostic d'infections dues à des microorganismes ou liées à un déficit immunitaire ou à un phénomène inflammatoire, caractérisée en ce qu'elle comprend le dosage d'un polypeptide selon l'une des revendications 1 à 3 ou d'un acide nucléique selon l'une des revendications 4 et 5 dans un échantillon biologique et la comparaison du résultat dudit dosage obtenu avec la quantité dudit polypeptide, respectivement dudit acide nucléique, présente normalement dans un échantillon biologique équivalent.

35) Méthode de diagnostic d'inflammation, d'une immunodéficience et/ou d'une prédisposition à des affections de type cancer, caractérisée en ce qu'elle comprend le dosage d'un polypeptide selon l'une des revendications 1 à 3 ou d'un acide nucléique selon l'une des revendications 4 et 5 dans un échantillon biologique et la comparaison du
5 résultat dudit dosage obtenu avec la quantité dudit polypeptide, respectivement dudit acide nucléique, présente normalement dans un échantillon biologique équivalent.

36) Méthode de diagnostic selon l'une des revendications 33 à 35, caractérisée en ce qu'elle met en œuvre un anticorps selon l'une des revendications 14 et
15.

10 37) Méthode de diagnostic selon l'une des revendications 33 à 35, caractérisée en ce qu'elle met en œuvre une sonde et/ou une amorce oligonucléotidique selon l'une des revendications 16 et 17.

38) Kit ou nécessaire de diagnostic pour la détermination d'une infection microbienne ou parasitaire, d'une inflammation, d'une immunodéficience et/ou de
15 prédisposition à des affections de type cancer, caractérisé en ce qu'il comprend un anticorps selon l'une des revendications 14 et 15.

39) Kit ou nécessaire de diagnostic pour la détermination d'une infection microbienne ou parasitaire, d'une inflammation, d'une immunodéficience et/ou de
20 prédisposition à des affections de type cancer, caractérisé en ce qu'il comprend une sonde et/ou une amorce selon l'une des revendications 16 et 17.

40) Utilisation d'un polypeptide selon l'une des revendications 1 à 3, 12 et 13, comme pesticide, notamment pour la culture de végétaux d'intérêt industriel.

1/16

ACACCATTTG	TCTTCATGTA	ACCCCATTAG	CTATACCCTC	TAGTGCAAGG	AAACCATAGG
10	20	30	40	50	60
GCCTAGGTCA	CACCATGAGG	CTGCNCTTAC	AAGTTATGCA	AAAACTATGG	ACTTGGGAGA
70	80	90	100	110	120
CCTGTGCGTA	ACAACATCAC	ACNCCAAATT	TAACCAGCTC	TCCCCATAAC	AGCAGGCTCA
130	140	150	160	170	180
TGTGTTACTG	AGGAAATGCC	TGTGGATTGG	AGTGTGTTCT	GTGTGCAGGA	GGCTGGTCCA
190	200	210	220	230	240
GGTTTCACTT	CTGCAGGACA	CTGGACGTTT	CCCCAAAACCA	GCAGACTTTC	CCCACGTGCA
250	260	270	280	290	300
CACACACCCC	TTCTCATTTT	GCCTCTACAT	CCATATCCAC	TGGGCCCTTC	AGGCACCTAC
310	320	330	340	350	360
TAATGCCCTA	GAACCTAAAA	CCATCATCTG	GGGCCCAGTT	CCCTGAATGG	CCCTAATCTC
370	380	390	400	410	420
TTCCTCTGCT	GGAATGAGTC	CAGTGCCAC	TTCCTCCAAC	GGTGAAATTG	CTGGGCTGCT
430	440	450	460	470	480
ACAGATCAGG	AACTCACTGC	TTCCTCATAG	GGGCAGCCGA	CTTCACTGCT	CTGCAACAGC
490	500	510	520	530	540
GACCACCCCT	AGCGAGGCTT	GAGATGCCTC	TTGCCTCCTT	AAGACTGAGG	GAGACGCTTC
550	560	570	580	590	600
AGCTCTCACT	CCACTGCCCC	AAGTCCTCCA	CAGCGCGGTG	CCTGCTGCCT	TCACACAGAG
610	620	630	640	650	660
CTGCAGGGGN	AGGTCCTGTG	TATCCGGCCT	GCTGGACCAG	CGCTGTGCAC	AACCCCTCCCA
670	680	690	700	710	720
TGGCAACAGT	GGCTGCCCCG	CCTGCACACT	GGGCTTGGCA	ACCTCGCTGT	AGGTATTTAT
730	740	750	760	770	780
TCCCTCAGGA	GTGACTGCAT	TCTTTTCCCA	TTTCCAGAAA	ACTGATGCCA	TTTACCTCAC
790	800	810	820	830	840
TATGAGGAGG	AGGAGGAGGA	GGAGGGTGGA	GAGTGGTACA	TTTTAAAATG	TGCACTATTC
850	860	870	880	890	900
TCCCTAGGAC	TCCCCCTCAA	ATAACCCAGG	AGGGACCATA	CCAGCTCATT	CCTGTGTATC
910	920	930	940	950	960
CCAAGCATAN	GAGTAATCAT	CCCACTCATG	CTGAGTSTAT	GGTGGCCATT	AAGCCTGCCC
970	980	990	1000	1010	1020

Figure 1

2/16

```

TGAACCTGGCT TTAGAACAAG GTGTTTGAGC ACACAGCACC GTCTTGCTGC CACCTTGGCC
  1030      1040      1050      1060      1070      1080

CCCTCCCTTG TGAGACCTCT GAGACACATT NAGGTCTCAC CTAATAATCT CAGGATTTCT
  1090      1100      1110      1120      1130      1140
AGGCCCAAAAN CGGTCCTAAA AAATTGTTCA GTCTGAACCTC TCTAAGGTCA AGAGAAGAGG
  1150      1160      1170      1180      1190      1200

TGGTTGCTCC CTCTAAGAAA CCACATGTTG CATGTACATC CTTAATTCCG GAAAGTCCAA
  1210      1220      1230      1240      1250      1260

CAACCTGCC CTGCTTAGCA ACACAAGCCG AGGTGGTACT CCTCTACCCC GGGCATTCTC
  1270      1280      1290      1300      1310      1320

CAACACACCT GTTTGTCCAA ACAGCTTTGA TTTGTTTTTA TAGTTGGACC CCAGGTTCCC
  1330      1340      1350      1360      1370      1380

AGGAGGCTGG TTCAGGCCAT ATTCCAAATC CTCATCTGTG TGTGAGTGGC ATTCTTAGCC
  1390      1400      1410      1420      1430      1440

TAGCCTCCTT ACAGGGTGGA TACTATGATA CACAGCCAGG CTGTCCCAGT GGCTTTCAAT
  1450      1460      1470      1480      1490      1500

ATTCTTTTGG TCCAGATAGT TCAGCCTCAG CACCAGTGTA GGCATCACAG GGTCAATTGT
  1510      1520      1530      1540      1550      1560

CTTAGGAGTC ATGGAGAATT CATAGTTGGT AGCTACCTGG GCCTGGCCAG GGCTGACCAT
  1570      1580      1590      1600      1610      1620

AGACAAGGCA TCCCTCTGTG AACTCCTATT TTAATGCCAG CTTCCCAACA AATTTCTCAA
  1630      1640      1650      1660      1670      1680
                                CAAT box
                                ----
CTGCTCTTAC CAGCAGGTAT TTAAACTACT CAATAGAAAG TAACCCTGAA AATTAGGACA
  1690      1700      1710      1720      1730      1740
                                TATA box
                                -----
CCTGTTCCCA AAAGACCCTT AAATAGGGGA AGTCCTTTCTN CTGCTTGTGC ACAGCTGCTG
  1750      1760      1770      1780      1790      1800

                                |->mRNA -----
ATGTGGCAAC ATGAGGCCTG GGACAGGGGA CTGTCCTCTG CCCACTCTGG TAGCCTCAGC
  1810      1820      1830      1840      1850      1860

                                Spsite
-- exon 1 ---->#####
TAGCTTAACA ATCTGTCAGT AATACAATAC AAAACTTAAA CTTTCATACT GCGGTTCCAC
  1870      1880      1890      1900      1910      1920

CCAGGAAGCT GTGTTCCCAA TCTGACCCGT GATTATGGGG CCACCTCAGA GGGNACCCAG
  1930      1940      1950      1960      1970      1980

```

Figure 1(suite)

3/16

```

TGAGGGAATA TTTTGCCATC TGGGACTGTT GGTGCTGGG GGCAGTGGCT ATGAGCTCAG
    1990         2000         2010         2020         2030         2040

TTAATAAACT CAAGCAGTTT CCTTCCAAAC ACACATGTCC TACTTAAACGT GTCCAACAGA
    2050         2060         2070         2080         2090         2100

GATGATCATA CTCATANGCT GCTAAACAT TANTTTTATT TTGAGAAAAG TCTATTCATG
    2110         2120         2130         2140         2150         2160
----- Alu insert -----
TTCTTGGCCC ATGGAGTTTT CATTTNATTA NTTTATTTAT TTTGCAGAGA TGGAGTCTCA
    2170         2180         2190         2200         2210         2220

CTATGTTGCT CAAGCTGGTC TCCAACCTCT GGGCTCAAGC GATCTTCCTA CTTTGGCCTT
    2230         2240         2250         2260         2270         2280

TGAAAGCGCT GAGATTGCCT GTGTGAGCCA TCATGGGGGC TCACTGGCCC ACTGATTAAT
    2290         2300         2310         2320         2330         2340

CAGATTAATT GTTTTTTGCT ATTGAANTTG TTTGACTTCC TTGTATATTC GGATATTTAC
    2350         2360         2370         2380         2390         2400

CCATTCTAAC ACGTAGGGTT TGCAAATATT TTCTCTCATG TTCTGTGTTG CCTTTTCACT
    2410         2420         2430         2440         2450         2460

CAGTTGATGG TTTCCTTTGC TGTGCAGGTG CTTTAGTGTT CAACGCAGCC CCGCTTGTCT
    2470         2480         2490         2500         2510         2520

ATTTTCCATT TTATTGCCTG TCCCTTTGAT GTCATAGCCA AGAAATAATT GCCCAGATTA
    2530         2540         2550         2560         2570         2580

ATGTCAAAAA GCTTTATCCC TATATATTCT TCTAGTAGTT TATGGTTTCA GATCTTATGT
    2590         2600         2610         2620         2630         2640

TTAGGTCTTC AATCCATTGA GTTGATTTTT GTATGTGGTA TAAGAAAAAA GACCACATGT
    2650         2660         2670         2680         2690         2700

ATACATATCT CAAATTCTAA GGTAGTATAT ATTAGACACA TACAATGTGT CTATTTACAC
    2710         2720         2730         2740         2750         2760

ACATTGAGCT GAAAATAATA AACATATTTT TATCTTTCAA TCAACTCTAT CTCTATCTCA
    2770         2780         2790         2800         2810         2820

CTGAACCTGT TTCACCTATA GCCTGATGAG GTTGCTGTCC TCTCTACCCC AGCTCCTATA
    2830         2840         2850         2860         2870         2880

GGAGACTGCT CATCCCCTAA CCTCAAAAAC CCCTTCATGA GGGTGATAAT GCCCTTGAAT
    2890         2900         2910         2920         2930         2940

```

Figure 1(suite)

4/16

```

CCTGCAATGA ATTAGTTCTC TACTACAGTG GAATTCAGGT CTGTTATGAG GGTCTGGATC
  2950      2960      2970      2980      2990      3000

TCTGAAGAGA AGAGCTCTCA TTTTCAGAAA ATAAGCAGGA TTTATTCCCT GAAAT'TACT'G
  3010      3020      3030      3040      3050      3060

AATTAAATCA CTGTTTCGAT TACTTTTTCG CAAATTTAAAA GTAAATATTTT AAACAGGTAA
  3070      3080      3090      3100      3110      3120

AAACAGAAAT AATGGTAGGG TCCTTATCAT CACCGTGAAT TCCAAGCTAG CATAGACACT
  3130      3140      3150      3160      3170      3180

AAACCTAGAG ATTCACACTA GAATGAAAGC TGGGAGAGCA GAGGAGTCTC AGAAGGATGT
  3190      3200      3210      3220      3230      3240

GGAGGCCAAT GGACACCTGC AACCTCTCCA ACGAAATGCC TACCTCCTCT CACTGCAGCA
  3250      3260      3270      3280      3290      3300

TCCATCTCTG AGCCTTCTCG CAGCAGAGCT ATAAATTCAG CCTGGCTCCT CCGTTCCAC
  3310      3320      3330      3340      3350      3360

                                     Spsite      CDS start
                                     ###<-----*-----
ACATCCACTC CTGCTCTCCC TCCTCTCCTC CAGGTGACTA CAGTTATGAG GACCCTCACC
  3370      3380      3390      3400      3410      3420

----- Exon 2 -----
CTCCTCTCTG CCTTTCTCCT GGTGGCCCTT CAGGCCTGGG CAGAGCCGCT CCAGGCAAGA
  3430      3440      3450      3460      3470      3480

-----
GCTCATGAGA TGCCAGCCCA GAAGCAGCCT CCAGCAGATG ACCAGGATGT GGTCATTTAC
  3490      3500      3510      3520      3530      3540

                                     Spsite
----->### ###
TTTTCAGGAG ATGACAGCTG CTCTCTTCAG GTTCCAGGTG AGAGATGCCA GCATGCAGAG
  3550      3560      3570      3580      3590      3600

CTACAGACTA GACAGAAGGA CAGGAGACAG GCTCTGGAAT TGGATCTCAG TGGCAGATGT
  3610      3620      3630      3640      3650      3660

CACTTAGGTG GCTATACTTA ACATCTCTGG TCCTGGATTT TCTCATATCT AAATGGAATA
  3670      3680      3690      3700      3710      3720

GAGAACCAAA GAAATCTAAG AGATTTTCTT TTCTCCAAAA ACTTGATTCC AAGATATGAC
  3730      3740      3750      3760      3770      3780

TGTGAAATTC ACTAGATTTA AGATATAAGG AGATGCTACC TAGTTCCTTC TGGAGCCAGA
  3790      3800      3810      3820      3830      3840

```

Figure 1 (suite)

5/16

```

CAAACAAGCT TAAGTATATA GGAAAATATT TCACCCTGTC TATATAGGAG GTTTTAGAAC
  3850      3860      3870      3880      3890      3900

CTGGAGAGGA GCCTAAGAAT GTGTTCAGGT GTGTGTGTGA TGGGCAGGAA TGCAGAAAAG
  3910      3920      3930      3940      3950      3960

TGAAGCAAAG GAGAATGAGT CTCGAATCCT GTGTGACCAG CACTGCTCTG TGTATTTATT
  3970      3980      3990      4000      4010      4020

CCTATTGACT GAGATTGTTT GTGCTACCGG CTGTAATACA GCCAACATCA CTCATCAGCC
  4030      4040      4050      4060      4070      4080

AACATGTGAC TTCTCCAAGA TTCCCTTTAC CACCCACTGC TGNACCCCGT ACTCAGTTTC
  4090      4100      4110      4120      4130      4140

                                Spsite
                                ###<-----
TGATGCTCTC TCTGGGTCCC CAGGCTCAAC AAAGGGCTTG ATCTGCCATT GCAGAGTACT
  4150      4160      4170      4180      4190      4200

----- Exon 3 -----
ATACTGCATT TTTGGAGAAC ATCTTGGTGG GACCTGCTTC ATCCTTGGTG AACGCTACCC
  4210      4220      4230      4240      4250      4260

                                CDS stop
                                ***-----
AATCTGCTGC TACTAAGCTT GCAGACTAGA GAAAAAGAGT TCATAATTTT CTTTGAGCAT
  4270      4280      4290      4300      4310      4320

                                                                Poly Ad
                                                                *****
----->
TAAAGGGAAT TGTTATTCTT ATACCTTGTC CTCGATTTC TGCCTCATC CCAAATAAAT
  4330      4340      4350      4360      4370      4380

ACTTGGTAAC ATGATTTC CGTTTTTTTT TTTT
  4390      4400      4410

```

Figure 1(suite)

	10	20	30	40	50	
DEF4	GGATCCCCATTGTCTTCAGTGTAAACC-ATTAGTTAAACCGCCTACTGCAAGGAAACCA					
DEFX	: :::::::::::::: ::::: :::: :::: ::::::::::::::					
	10	20	30	40	50	
	60	70	80	90	100	110
DEF4	CAAGGCTTGGATCAGATCATGAGGCTGCCCT-ACAAGTTATGCCAAAAAATATGGACTTG					
DEFX	: :::: : : :::: : :::::::::::::: :::::::::::::: ::::::::::::::					
	60	70	80	90	100	110
	120	130	140	150	160	170
DEF4	GAAGACCTGTCTGTTATAATATCACAC-CCAAATCTAACAGCTCTGCCAATAACAGCTC					
DEFX	: :::::::::: : : : :::::::::::::: :::::::::::::: ::::::::::::::					
	120	130	140	150	160	170
	180	190	200	210	220	230
DEF4	TCTCCTATGTTACTAGGAAAATGCCTATGGATTGGAGTGTGTTCTGTGTGCAGGAGGCTG					
DEFX	: :: : :::::::::: : :::::::::::::: :::::::::::::: ::::::::::::::					
	180	190	200	210	220	230
	240	250	260	270	280	290
DEF4	GTCCAGGTTTTCACTTCTGCAGGACACTGGACATC-CCCACAACCACCAGACCTTCCCCAC					
DEFX	: :::::::::::::: :::::::::::::: : :::: : :::: : :::: : :::::					
	240	250	260	270	280	290
	300	310	320	330	340	350
DEF4	GTGCACACACACCCCTTCTCATTTTGCCTCTACATCCATATCCACTGGGCCCTTCAGGCA					
DEFX	: :::::::::::::: :::::::::::::: :::::::::::::: ::::::::::::::					
	300	310	320	330	340	350
	360	370	380	390	400	410
DEF4	CCTACTAATGCCCTAGAACCTAAAACCATCATCTGGGGCCCAGTTCCCCAAATAGCCCTA					
DEFX	: :::::::::::::: :::::::::::::: :::::::::::::: ::::::::::::::					
	360	370	380	390	400	410
	420	430	440	450	460	470
DEF4	ATTTCTTCCTCTGCTGGAATGAGTCCAGTGCCCACTTCTCCAAGGTGAAATTGCTGGG					
DEFX	: : :::::::::::::: :::::::::::::: :::::::::::::: ::::::::::::::					
	420	430	440	450	460	470
	480	490	500	510	520	530
DEF4	CCTGCAACAGATCAGGAACCTCACTGCTTC-TCATAGGGGCGAGCCGACTTCACTGCTCTGG					
DEFX	: : : :::::::::::::: :::::::::::::: :::::::::::::: ::::::::::::::					
	480	490	500	510	520	530

Figure 2

7/16

```

      540      550      560      570      580      590
DEF4 AACAGCGACCACCCCTAGCGAGGCTTGAGATGCCTCTTCCCTCCTTAAGACTGAGAGCGC
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
DEFX AACAGCGACCACCCCTAGCGAGGCTTGAGATGCCTCTTGCCTCCTTAAGACTGAGGGAGA
      540      550      560      570      580      590

      600      610      620      630
DEF4 CGCT-----GCCCCAGTCCCTCCATAGCCCAGTGCCTGGCTGCCTTCA
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
DEFX CGCTTCAGCTCTCACTCCACTGCCCAAGTCCCTCCACAGCGCGGTGCCTG-CTGCCTTCA
      600      610      620      630      640      650

      640      650      660      670      680      690
DEF4 GCCAGAGCTGCAGGGG-AGGCCCTGAGCACCCAAGTCCTGCTGGACCAGCGCTGTGCACG
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
DEFX CACAGAGCTGCAGGGGNAGGTCCTGTGTATCC--GGCCTGCTGGACCAGCGCTGTGCACA
      660      670      680      690      700      710

      700      710      720      730      740      750
DEF4 GCCCTCCCATGGCGGCAGGGGCTGCCTGGACTGCATACTGGGTTGAGCAACCTCACTATA
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
DEFX ACCCTCCCATGGCAACAGTGGCTGCCCGCCTGCACACTGGGCTTGGCAACCTCGCTGTA
      720      730      740      750      760      770

      760      770      780      790      800      810
DEF4 GGTATTCATTCCCTCAGGAACAAGTGCATTCTTTTCTCATTTCCAGAAACCTCATCCCCGT
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
DEFX GGTATTTATTCCCTCAGGAGTGACTGCATTCTTTTCCCATTTCCAGAAAACCTGATGCCAT
      780      790      800      810      820      830

      820      830      840      850      860
DEF4 TTACCTCACTACAAGGAGGAGGATG-----GTGGAGAGTGGTACATTTTAAATGT
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
DEFX TTACCTCACTATGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGTGGTACATTTTAAATGT
      840      850      860      870      880      890

      870      880      890      900      910      920
DEF4 GCACTAGTCTCCCTGGGACTCCCCTTCAAATAACCCAGGAGGGACCACACAAGGGAAAGC
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
DEFX GCACTATTCTCCCTAGGACTCCCCTTCAAATAACCCAGGAGGGACCATACCAGCTCATTC
      900      910      920      930      940      950

      930      940      950      960      970      980
DEF4 TTATGCATCCCCCCCACCC-AGTGACCATCTTCCTAACTCTGGGTGTAGGGGAGACTCGTA
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
DEFX CTGTGTATCCCAAGCATANGAGTAATCATCCCACTCATGCTGAGTGTATGGTGGCCATTA
      960      970      980      990      1000      1010

      990      1000      1010      1020      1030      1040
DEF4 AGCCTACG--GGATTGGTTTGGGAACAGGGTATTTGAGCTCACAACACAAGGTGATGCAA
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
DEFX AGCCTGCCCTGAACTGGCTTTAGAACAAGGTGTTTGGAGCACACAGCACCG-----
      1020      1030      1040      1050      1060

```

Figure 2 (suite)

8/16

```

      1050      1060      1070      1080      1090      1100
DEF4  GCTAACACCAATCTCGCTGCAGCTTTGGCCACCATCCTAAGG-GACTTCTGACAGACATT
      :::: ::::: : ::::: : : ::::: : :::::
DEFX  -----TCTTGCTGCCACCTTGGCCCCCTCCCTTGTGAGACCTCTGAGACACATT
      1070      1080      1090      1100      1110

      1110      1120      1130      1140      1150      1160
DEF4  -AGGTGTCACGCAATCATTTGATGAGTCCTTGGCCTGGAT--GACCTAGACACTCATTTA
      :::: ::::: : : : : : : : : : : : : : : : : : :
DEFX  NAGGTCTCACCTAAAAATCTCAGGATTTCTAGGCCCAAANC GGTCCTAAAAAATTGTTC A
      1120      1130      1140      1150      1160      1170

      1170      1180      1190      1200      1210      1220
DEF4  GGCTTGAAC TATCTAAGGCCAAGCAAAAAGGTGACTGTCCCCTCTAGGAA-CCACATGCT
      : : : ::::: ::::: : : : : : : : : : : : : : : :
DEFX  GTCT-GAACTCTCTAAGGTCAAGAGAAGAGGTGGTTGCTCCCTCTAAGAAACCACATGTT
      1180      1190      1200      1210      1220

      1230      1240      1250      1260      1270
DEF4  ATATGCACATCCTTTACTCGGGAGCCTGCAAC----CTGCCCTATCCAGCAACACAAGCC
      : : : ::::: : : : : : : : : : : : : : : : : :
DEFX  GCATGTACATCCTTAATTCCGGAAAGTCCAACAAACCTGCCCTGCTTAGCAACACAAGCC
      1230      1240      1250      1260      1270      1280

      1280      1290      1300      1310      1320      1330
DEF4  CAGGCG-TATTCAGTCTCATCCAGGTATTCTCCAAC---CTTACTTGTCTGAATGGCTTG
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
DEFX  GAGGTGGTACTCC-TCTCACCCGGGCATTCTCCAACACACCTGTTTGTCCAACACAGCTTT
      1290      1300      1310      1320      1330      1340

      1340      1350      1360      1370      1380      1390
DEF4  GATTTGTTTTTATGGTTAGACCCAGGG-CCTGGGAGGTGAGTTCAGACCACATTCCAAA
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
DEFX  GATTTGTTTTTATAGTTGGACCCAGGTTCCCAGGAGGCTGGTTGAGGCCATATTCCAAA
      1350      1360      1370      1380      1390      1400

      1400      1410      1420      1430      1440      1450
DEF4  TCCTCATCTGTGTGTGGGTGGCATTTTGATCCTAGTCTCCTCGCAAGGTGTATACAACAA
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
DEFX  TCCTCATCTGTGTGTGAGTGGCATTCTTAGCCTAGCCTCCTTACAGGGTGGATACTATGA
      1410      1420      1430      1440      1450      1460

      1460      1470      1480      1490      1500      1510
DEF4  TATGCAGGCCAGGCTCTCCTGGTGGCTTTAAATATTCCCTCGGTCCAGGTAGTTGAGCCT
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
DEFX  TACACAG-CCAGGCTGTCCCAGTGGCTTTCAATATTCTTTTGGTCCAGATAGTTGAGCCT
      1470      1480      1490      1500      1510      1520

      1520      1530      1540      1550      1560      1570
DEF4  CAGCCACCAGCATAGGTATCATGGGGTCAATTGTCTTAGGAGTCATGAGGAATCCACAGT
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
DEFX  CAGC-ACCAGTGTAGGCATCACAGGCTCAATTGTCTTAGGAGTCATGGAGAATTGATAGT
      1530      1540      1550      1560      1570      1580

```

Figure 2 (suite)

9/16

```

      1580      1590      1600      1610      1620      1630
DEF4  TGATTGCTGCCTGGGCCTGGCCAGGGCTGACCAAAGTAGACGAGGGGT'CGGTACCTCCGT
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
DEFX  TGGTAGCTACCTGGGCCTGGCCAGGGCTGACCA---TAGACAAGGCATC---CCTCTGT'
      1590      1600      1610      1620      1630

      1640      1650      1660      1670      1680      1690
DEF4  GGACTCCTGCTTGAAGTCCAGCTTTCTGCCAAATTTCTCAACTGCCCTTGTAAACAGTTA
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
DEFX  GAAGTCCCTATTTAATGCCAGCTTCCCAACAAATTTCTCAACTGCTCTTACCAGCAGGTA
      1640      1650      1660      1670      1680      1690

      CAAT box
      1700 ----1710      1720      1730      1740      1750
DEF4  TTTAAAGTACCCAATAGAAAGTAACGCTGAAAAATTAGGACACCTGATACCAAAAGACCC
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
DEFX  TTTAAACTACTCAATAGAAAGTAACCTGAAAA-TTAGGACACCTGTTCCCAAAAGACCC
      1700      1710      1720      1730      1740      1750

      TATA box
      -----      1770      1780      1790      1800
DEF4  TTAAATAAGG-AAGTCCTCTC-CTCTGTGTGCATGGCTGCTCTTG---CTACATAAGACC
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
DEFX  TTAAATAGGGGAAGTCCTTTTCNCTGCTTGTGCACAGCTGCTGATGTGGCAACATGAGGCC
      1760      1770      1780      1790      1800      1810

      mRNA start -->      SpSite
      1810      1820 | 1830      1840      1850      1860 ----
DEF4  TGGAAACACAGGACTGCTGTCTGCCCTCTCTGCTCGCCCTGCCTAGCTTGAGGATCTGTAA
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
DEFX  TGGGACAGGGGACTGTCTCTGCCACTCTGGTAGCCTCACGTAGCTTAACAATCTGTCA
      1820      1830      1840      1850      1860      1870

      --      1880      1890      1900      1910      1920
DEF4  GTAACACAA-----AACTTAACTTTACATTGAGGTTTCAATATTGAAGCTGTGTCCCC
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
DEFX  GTAATACAATACAAAACCTTAACTTTTCACTGCGGTTCCACCCAGGAAGCTGTGTTCCT
      1880      1890      1900      1910      1920      1930

      1930      1940      1950      1960      1970      1980
DEF4  AGTCTGACCTCTCACTGTGGGGCCACCCAGAGGACCCAGCGTGAAGCCCCCTGCTGTGAA
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
DEFX  AATCTGACCCGTGATTATGGGGCCACCTCAGAGGGNACCCAGTGAGGGAA-TATTTTG--
      1940      1950      1960      1970      1980      1990

      1990      2000      2010      2020      2030      2040
DEF4  CTTCTATCTGGGTGTCTGGCGGCTGCTGGGGGTAATGGCTACTAGCTAAGTCAATAGAGA
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
DEFX  ---CCATCTGGGA---CTGTTGGTTGCTGGGGGCAGTGGCTATGAGCTCAGTTAATA---
      2000      2010      2020      2030      2040

```

Figure 2 (suite)

10/16

	2050	2060	2070	2080	2090	2100
DEF4	AACTCAAAAAGTTTCCTTCCAAACACACGTGTCCTACTTGACATGTCCAATAAAGACGAT					
DEFX	AACTCAAGCAGTTTCCTTCCAAACACACATGTCCTACTTAACGTGTCCAACAGAGATGAT					
	2050	2060	2070	2080	2090	2100
	2110	2120	2130	2140		
DEF4	CA----CAGCTTC--TAAACATTA-TTTTATTGTGAGAGAAGCCTCT-----					
DEFX	CATACTCATANGCTGCTAAACATTANTTTTATTTTGAGAAAAGTCTATT'CATGTTCTTG					
	2110	2120	2130	2140	2150	2160
					2150	
DEF4	-----GCAG-----GTC---CTA---					
DEFX	GCCCATGGAGTTTTCATTTNATTANTTTATTTATTTTGCAGAGATGGAGTCTCACTATGT					
	2170	2180	2190	2200	2210	2220
				2160		
DEF4	-----GGTCT-----GTTTTTC-----					
DEFX	TGCTCAAGCTGGTCTCCAACCTCTGGGCTCAAGCGATCTTCCTACTTTGGCCTTTGAAAG					
	2230	2240	2250	2260	2270	2280
					2170	
DEF4	-----AATCAGGTT					
DEFX	CGCTGAGATTGCCTGTGTGAGCCATCATGGGGGCTCACTGGCCCACTGATTAATCAGATT					
	2290	2300	2310	2320	2330	2340
	2180	2190	2200	2210	2220	2230
DEF4	GTTTGTGTTTTGCTATTGA-GTTGTTTGACTTCCTTATGTATTGAGATATTTACCCCTTC					
DEFX	AATTGTTTTTTGCTATTGAANTTGTGTTGACTTCCTTGTATATTGCGATATTTACCCATTC					
	2350	2360	2370	2380	2390	2400
	2240	2250	2260	2270	2280	2290
DEF4	TACCACGTAGGCTTTGCAAACATTTCTCTCATTTTCTGGGTTGCCGTTCCCTCAGTTG					
DEFX	TAACACGTAGGCTTTGCAAATATTTCTCTCATGTTCTGTGTTGCCTTTTCACTCAGTTG					
	2410	2420	2430	2440	2450	2460
	2300	2310	2320	2330	2340	2350
DEF4	ATTGTTTCCTTTGCTATGAAGATGCTTTAGCGTTCAATGCAGCCCCGCTTGTCTATTTTC					
DEFX	ATGGTTTCCTTTGCTGTGCAGGTGCTTTAGTGTTCAACGCAGCCCCGCTTGTCTATTTTC					
	2470	2480	2490	2500	2510	2520
	2360	2370	2380	2390	2400	2410
DEF4	CCATTTGTTTATTGCCTGTGCCTTTGGTGTGATAGCCAAGAAATCATTACTCACGTCAAT					
DEFX	C-ATTT---TATTGCCTGTCCCTTTGATGTGATAGCCAAGAAATAATTGCCAGATTAAT					
	2530	2540	2550	2560	2570	2580

Figure 2 (suite)

	2420	2430	2440	2450	2460	2470
DEF4	GTCCAAA-GCTTTATCTTTGTATGTGCTTCTCGTAGTTGTATGGTTTTCAGGTCCTTTTCAA					
DEFX	GTCAAAAAGCTTTATCCCTATATATTCTTCTAGTAGTT-TATGGTTTCAGATCTT-----					
	2590	2600	2610	2620	2630	
	2480	2490	2500	2510	2520	2530
DEF4	GTCTATGTTGAG-TCTTCAATCCATGTTGAGCTGATTTTT-TACATGTTGTGAGAGAAAG					
DEFX	----ATGTTTtaggtcttCAATCCA--TtGAGTTGATTTTTGTATGTGGTATAAGAAAAAA					
	2640	2650	2660	2670	2680	2690
	2540					
DEF4	GACCACGTGTATGCACCT-----					
DEFX	GACCACATGTATACATATCTCAAATTCTAAGGTAGTATATATTAGACACATACAATGTGT					
	2700	2710	2720	2730	2740	2750
	2550	2560		2570		
DEF4	-----AGC---AACTCATGAAC-----CTTACA--CAACTCTTT					
DEFX	CTATTTACACACATTGAGCTGAAAATAATAAACATATTTTTATCTTTCAATCAACTCTAT					
	2760	2770	2780	2790	2800	2810
	2580	2590	2600	2610	2620	2630
DEF4	ATCTCTCTCACTGAGCTCATTTACCTGTACCCTGATAAGGTCATTGTCCTCTTCACTCT					
DEFX	CTCTATCTCACTGAACCTTGTttCACCTATAGCCTGATGAGGTTGCTGTCCTCTCTACCCC					
	2820	2830	2840	2850	2860	2870
	2640	2650	2660	2670	2680	2690
DEF4	GGCCCCACAGGAGACTACTCACCCATTACCTCAGTCGCCCCCTTCATGAGGGT-ATAAT					
DEFX	AGTCCTATAGGAGACTGCTCATCCCCTAACCTCAAAAACCCCTTCATGAGGGTGATAAT					
	2880	2890	2900	2910	2920	2930
	2700	2710	2720	2730	2740	2750
DEF4	GACCTAGAAGCCTGCAATGAGTTACT-CTCTACTCCACCGGAATTCAGGTCTGGCACCAG					
DEFX	GCCCTTGAATCCTGCAATGAATTAGTTCTCTACTACAGTGGAATTCAGGTCTGTTATGAG					
	2940	2950	2960	2970	2980	2990
	2760	2770	2780	2790	2800	2810
DEF4	TGTTTAGACCT--GAAGAGAATAGTAGGGCCATTATCAGGAAATAAGAGGCATTTGCTC					
DEFX	GGTCTGGATCTCTGAAGAGAAGAG---CTCTCATTTTCAGAAAATAAGCAGGATTTATTC					
	3000	3010	3020	3030	3040	
	2820	2830	2840	2850	2860	2870
DEF4	TCTTAAATTATTGAATGAAAGCACTGTTTCCATT-CTTTTTAGAAATATTAAAGATTTAAC					
DEFX	CTTGAAATTACTGAATTAAATCACTGTTTCGATTACTTTTTGCAATATTAAA-----					
	3050	3060	3070	3080	3090	

Figure 2 (suite)

12/16

```

      2880      2890      2900      2910      2920      2930
DEF4  CAGGAAATATTAGGTATTTCTGAAAACAGGAAAAAATGCCAGGGTCCTCATCATCACCA
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
DEFX  -AGTAAATATTTA--AACAGGTAAAAACAG-AAATAATGGTAGGGTCCTTATCATCACCG
      3100      3110      3120      3130      3140      3150

      2940      2950      2960      2970      2980
DEF4  TCAACTTCAACCTAGGCACAGACACTAAACATAGAGCTTC---CTGTGAAGAAAGCTGGG
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
DEFX  TGAATTCCAAGCTAG-CATAGACACTAAACCTAGAGATTACACTAGAATGAAAGCTGGG
      3160      3170      3180      3190      3200      3210

      2990      3000      3010      3020      3030      3040
DEF4  AGAGCAGAGGAGGCATTCCAGGGATGTCAAGGCCAATAGGAGTCGGCATCCTCTCTAACA
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
DEFX  AGAGCAGAGGAGTC-TCAGAAGGATGTGGAGGCCAATGGACACCTGCAACCTCTCCAACG
      3220      3230      3240      3250      3260      3270

      3050      3060      3070      3080      3090      3100
DEF4  AAATGCACACCTCCTCTCACTCAGAAGGCCAAAGGTTTCTTATCTCTGTGCCTTCTCCCA
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
DEFX  AAATGCCTACCTCCTCTCACT-----GC---AGCATCC--ATCTCTGAGCCTTCTCGCA
      3280      3290      3300      3310      3320

      3110      3120      3130      3140      3150      3160
DEF4  GAA-AGCTATAAATCCAAGCTGGCTTCTCCCTCCCCACACAGCTGCTCCTGCTCTCCCTC
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
DEFX  GCAGAGCTATAAATTCAGCCTGGCTCCTCCGTTCCACACATCCACTCCTGCTCTCCCTC
      3330      3340      3350      3360      3370      3380

      <----- exon2 ----->
      3170      3180      3190      3200      3210      3220
DEF4  CTC-----CAGGTCACCCCAGCCATGAGGATTATCGCCCTCCTCGCTGCTATTCTCTTGG
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
DEFX  CTCTCCTCCAGGTGACTACAGTTATGAGGACCCCTCACCTCCTCTCTGCCTTTCTCCTGG
      3390      3400      3410      3420      3430      3440

      3230      3240      3250      3260      3270      3280
DEF4  TAGCCCTCCAGGTCCGGGCAGGCCACTCCAGGCAAGAGGTGATGAGGCTCCAGGCCAGG
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
DEFX  TGGCCCTTCAGGCCTGGGCAGAGCCGCTCCAGGCAAGAGCTCATGAGATGCCAGCCCAGA
      3450      3460      3470      3480      3490      3500

      3290      3300      3310      3320      3330      3340
DEF4  AGCAGCGTGGGCCAGAAAGACCAGGACATATCTATTTCTTTGCATGGGATAAAAGCTCTG
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
DEFX  AGCAGCCTCCAGCAGATGACCAGGATGTGGTCATTTACTTTTCAGGAGATGACAGTGCTG
      3510      3520      3530      3540      3550      3560

```

Figure 2(suite)

13/16

```

----->
      3350      3360      3370      3380      3390      3400
DEF4 CTCTTCAGGTTTCAGGTGAGAGAGGCCAGCATAAAAAGCTACCGAGTCTAGAGAGACGG
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
DEFX CTCTTCAGGTTCCAGGTGAGAGATGCCAGCATGCAGA-GCTAC--AGACTAGACAGAAGG
      3570      3580      3590      3600      3610

      3410      3420      3430      3440      3450      3460
DEF4 ATGGGAGATGGGCTCTGGAATCACATCTCAATGGTGGATGTCACCTTAGGTGGCTTTACTTT
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
DEFX ACAGGAGACAGGCTCTGGAATTGGATCTCAGTGGCAGATGTCACCTTAGGTGGCTATACTTT
3620      3630      3640      3650      3660      3670

      3470      3480      3490      3500      3510      3520
DEF4 ACCATCTCTGGGCCTCGATTTTCTTATCTCGAACTGAATAGAGAGACAAACAAATGTAA
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
DEFX AACATCTCTGGTCTCGATTTTCTCATATCTAAATGGAATAGAGAACCAAGAAATCTAA
3680      3690      3700      3710      3720      3730

      3530      3540      3550      3560      3570      3580
DEF4 GT-AGTCTTCTTTCTCCAAAGACTTGATTCCAAGGTATGTCTATAAAATTCGCTAGGGTT
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
DEFX GAGATTTTCTTTCTCCAAAACTTGATTCCAAGATATGACTGTGAAATTCAGTAGATT
3740      3750      3760      3770      3780      3790

      3590      3600      3610      3620      3630
DEF4 AAGATATGGAGAGACAGATTGACCAGTTCTTTCTGGATCTAAACAAGTA-GAT--ATTAT
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
DEFX AAGATATAAGGAGATG--CTACCTAGTTCCTTCTGGAGCCAGACAAACAAGCTTAAGTAT
3800      3810      3820      3830      3840      3850

      3640      3650      3660      3670      3680      3690
DEF4 AG-GGAAAATATTTTCAATTCTGCCAACAAAGGAAATTTTAAAAACTGGAGATGGGCTTAAG
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
DEFX ATAGGAAAATATTTTACCCTGTCTATATAGGAGGTTTTAGAACCTGGAGAGGAGCCTAAG
3860      3870      3880      3890      3900      3910

      3700      3710      3720      3730      3740      3750
DEF4 AGTATGTTTCAGGTGTGTGTCTGATGGGGCA--AAAGCACACAAATCAGAGCAAAAGAGAA
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
DEFX AATGTGTTTCAGGTGTGTGTGTGATGGG-CAGGAATGCAGAAAAGTGA-AGCAAAGGAGAA
3920      3930      3940      3950      3960      3970

      3760      3770      3780      3790      3800      3810
DEF4 TGAGTCTCAAATCCTGTATGAGCAGCATTGCTCTGTGTATTTATTTCCTATTGACTAAGGT
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
DEFX TGAGTCTCGAATCCTGTGTGACCAGCACTGCTCTGTGTATTTATTTCCTATTGACTGAGAT
3980      3990      4000      4010      4020      4030

      3820      3830      3840      3850      3860      3870
DEF4 TGTTTGTGCTACCGGCACTAATGCAGCCAGCATCACCGGTCAGCCAGCATGTGCATTCTC
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
DEFX TGTTTGTGCTACCGGCTGTAATACAGCCAACATCACTCATCAGCCAACATGTGACTTCTC
4040      4050      4060      4070      4080      4090

```

Figure 2 (suite)

14/16

```

3880      3890      3900      3910      3920      3930
DEF4      CAAGATTCCCTTTACCACCCACCGCTGACCTTGGTGCTTAATTTCTCAGTCTTCCTCTGT
          :::::::::::::::::::: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
DEFX      CAAGATTCCCTTTACCACCCACTGCTGNACCCCGTACTCAGTTTCTGATGCTCTCTCTGG
          4100      4110      4120      4130      4140      4150

          <----- exon3 ----->
3940      3950      3960      3970      3980      3990
DEF4      GTTCCCAGGCTCAACAAGGGGCATGGTCTGCTCTTGCAGATTAGTATTCTGCCGGCGAAC
          :::::::::::::::::::: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
DEFX      GTCCCAGGCTCAACAAGGGCTTGATCTGCCATTGCAGAGTACTATACTGCATTTTGG
          4160      4170      4180      4190      4200      4210

          ----- exon3 -----
4000      4010      4020      4030      4040      4050
DEF4      AGAACTTCGTGTTGGGAAGTGCCTCATTGGTGGTGTGAGTTTCACATACTGCTGCACGCG
          :::: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
DEFX      AGAACATCTTGGTGGGACCTGCTTCATCCTTGGTGAACGCTACCCAATCTGCTGCT----
          4220      4230      4240      4250      4260      4270

          ----- exon3 -----
4060      4070      4080      4090      4100      4110
DEF4      TGTGATTAACATTCTGCTGTCCAAGAGAATGTCATGCTGGGAACGCCATCATCGGTGGT
          : : :
DEFX      -----ACTAA-----

          ----- exon3 -----
4120      4130      4140      4150      4160      4170
DEF4      GTTAGCTTCACATGCTTCTGCAGCTGAGCTTGAGAGAAATAGAGAAAAATGAGCTCATAATT
          :::::::::::::::::::: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
DEFX      -----GCTTGCAGACTAGAGAAAAA-GAGTTCATAATT
          4280      4290      4300

          ----- exon3 -----
4180      4190      4200      4210      4220      4230
DEF4      TGCTTTGAGAGCTACAGGAAATGGTTGTTTCTCCTATACTTTGTCCTTAACATCTT-TCT
          : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
DEFX      TTCTTTGAGCATTAAAGGGAATTGTTATT---CTTATACCTTGTCTCGATTTCCTGTCC
          4310      4320      4330      4340      4350      4360

          Poly Ad
          ----->
4240      4250      4260      4270      4280      4290
DEF4      TGATCCTAAATATATATCTCGTAACAAGATGTCTTTGTTTACACCTCTTTGAAATTTGAT
          : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
DEFX      TCATCCCAAATAAATACTTGGAACATGATTTCCGGGTTTTTTTTTTTTT
          4370      4380      4390      4400      4410

```

Figure 2 (suite)

	10	20	30	40	50	60
DEF4	GTCTGCCCTCTCTGCTCGCCCTGCCTAGCTTGAGGATCTGTACCCCAGCCATGAGGATT					
	: :					
DEFX	CTCTGCCCACTCTGGTAGCCTCACGTAGCTTAACAATCTGTGACTACAGTTATGAGGACC					
	10	20	30	40	50	60
	70	80	90	100	110	120
DEF4	ATCGCCCTCCTCGCTGCTATTCTTTGGTAGCCCTCCAGGTCCGGGCAGGCCCCACTCCAG					
	: :					
DEFX	CTCACCCCTCCTCTCTGCCTTTCTCCTGGTGGCCCTTCAGGCCTGGGCAGAGCCGCTCCAG					
	70	80	90	100	110	120
	130	140	150	160	170	180
DEF4	GCAAGAGGTGATGAGGCTCCAGGCCAGGAGCAGCGTGGGCCAGAAGACCAGGACATATCT					
	: :					
DEFX	GCAAGAGCTCATGAGATGCCAGCCCAGAAGCAGCCTCCAGCAGATGACCAGGATGTGGTC					
	130	140	150	160	170	180
	190	200	210	220	230	240
DEF4	ATTTCTTTTGCATGGGATAAAAGCTCTGCTCTTCAGGTTTCAGGCTCAACAAGGGGCATG					
	: :					
DEFX	ATTTACTTTTTCAGGAGATGACAGCTGCTCTCTTCAGGTTCCAGGCTCAACAAAGGGCTTG					
	190	200	210	220	230	240
	250	260	270	280	290	300
DEF4	GTCTGCTCTTGCAGATTAGTATTCTGCCGGCGAACAGAACTTCGTGTTGGGA ACTGCCTC					
	: :					
DEFX	ATCTGCCATTGCAGAGTACTATACTGCATTTTTGGAGA ACATCTTGGTGGGACCTGCTTC					
	250	260	270	280	290	300
	310	320	330	340	350	360
DEF4	ATTGGTGGTGTGAGTTTCACATACTGCTGCACGCGTGTGATTAACGTTCTGCTGTCCAA					
	: :					
DEFX	ATCCTTGGTGAACGCTACCCAATCTGCTG-----CTACTAA-----					
	310	320	330	340	350	
	370	380	390	400	410	420
DEF4	GAGAATGTCATGCTGGGAACGCCATCATCGGTGGTGT TAGCTTCACATGCTTCTGCAGCT					
DEFX	-----					
	360	370	380		390	
	430	440	450	460	470	480
DEF4	GAGCTTGCAGAA TAGAAAAATGAGCTCATAATTTGCTTTGAGAGCTACAGGAAATGGT					
 :					
DEFX	--GCTTGCAGACTAGAAAAA--GAGTTCATAATTTCTTTGAGCATTAAAGGGAAT---					
	400	410	420	430	440	450
	490	500	510	520	530	
DEF4	TGTTTCTCCTATACTTTGTCTTAACATCTT-TCTTGATCCTAAATATATATCTCGTAAC					
	: :					
DEFX	TGTTATTCTTATACCTTGTCTCGATTTCTGTCTCATCCCAAATAAATACTTGGTAAC					
	460	470	480	490	500	510
	540					
DEF4	AAG					
	: :					
DEFX	ATG					

Figure 3

16/16

```

<----- Signal peptide -----><--
      5      10      15      20
MetArgThrLeuThr LeuLeuSerAlaPhe LeuLeuValAlaLeu GlnAlaTrpAlaGlu

----- Propiece -----
      25      30      35      40
ProLeuGlnAlaArg AlaHisGluMetPro AlaGlnLysGlnPro ProAlaAspAspGln

----- Propiece -----
      45      50      55      60
AspValValIleTyr PheSerGlyAspAsp SerCysSerLeuGln ValProGlySerThr

-----><----- Mature peptide -----
      65      70      75      80
LysGlyLeuIleCys HisCysArgValLeu TyrCysIlePheGly GluHisLeuGlyGly

----->----- Mature peptide -----
      85      90      94
ThrCysPheIleLeu GlyGluArgTyrPro IleCysCysTyr

```

Figure 4

	SIGNAL	PROPIECE
DEF4_HUMAN	MRIIALLAAILLVALQVRA	GPLQAR-----GDEAPGQ-EQRGPEDQDISISFAWDKSS
DEF5_HUMAN	MRTIAILAAILLVALQAQA	ESLQER-----ADEATTQ-KQSGEDNQDLAISFAGNGLS
DEF6_HUMAN	MRTLILTAVLLVALQAKA	EPLQAEDDPLQAKAYEADAQ-EQRGANDQDFAVSFAEDASS
DEF1_HUMAN	MRTLAILAAILLVALQAQA	EPLQAR-----ADEVAAAPEQIAADIPEVVVSLAWDESL
DEFX	MRTLTLLSAFLVALQAWA	EPLQAR-----AHEMPAQ-KQPPADDQDVVIYFSGDDSC
	** . . . * * * * * *	** * *

	PROPIECE	Mature PEPTIDE
DEF4_HUMAN	ALQVSGSTRGM	VCSCRLVFCRTELRVGNCLIGGVSFTYCCTRVD
DEF5_HUMAN	ALRTSGSQARA	TCYCRTGRCATRESLSGVCEISGRLYRLCCR---
DEF6_HUMAN	SLRALGSTRAF	TCHCRR-SCYSTEYSYGTCTVMGINHRCCL---
DEF1_HUMAN	APKHGSRKNM	ACYCRIPACIAGERRYGTCTIYQGRWLAFCC---
DEFX	SLQVPGSTKGL	ICHCRVLYCIFGEHLGGTCFILGERYPICCY---
	. . **	* * * * * * *
		^ ^ ^ ^ ^ ^ ^

Figure 5

LISTE DE SEQUENCES(1) INFORMATIONS GENERALES:

- (i) DEPOSANT:
 - (A) NOM: GENSET SA
 - (B) RUE: 24 RUE ROYALE
 - (C) VILLE: PARIS
 - (E) PAYS: FRANCE
 - (F) CODE POSTAL: 75008
- (ii) TITRE DE L' INVENTION: POLYPEPTIDE DEFENSINE HUMAINE Def-X, ADN GENOMIQUE ET ADNC, COMPOSITION LES CONTENANT ET APPLICATIONS AU DIAGNOSTIC ET AU TRAITEMENT THERAPEUTIQUE
- (iii) NOMBRE DE SEQUENCES: 6
- (iv) FORME DECHIFFRABLE PAR ORDINATEUR:
 - (A) TYPE DE SUPPORT: Floppy disk
 - (B) ORDINATEUR: IBM PC compatible
 - (C) SYSTEME D' EXPLOITATION: PC-DOS/MS-DOS
 - (D) LOGICIEL: PatentIn Release #1.0, Version #1.30 (OEB)

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 1:

- (i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:
 - (A) LONGUEUR: 4415 PAIRES DE BASE
 - (B) TYPE: NUCLEOTIDE
 - (C) NOMBRE DE BRINS: DOUBLE
 - (D) CONFIGURATION: LINEAIRE
- (ii) TYPE DE MOLECULE: ADN
- (vi) ORIGINE:
 - (A) ORGANISME: Homo sapiens
- (ix) CARACTERISTIQUE:
 - (A) NOM/CLE: Exon 1
 - (B) EMPLACEMENT: 1836..1874
- (ix) CARACTERISTIQUE:
 - (A) NOM/CLE: Exon 2
 - (B) EMPLACEMENT: 3394..3577
- (ix) CARACTERISTIQUE:
 - (A) NOM/CLE: Exon 3
 - (B) EMPLACEMENT: 4161..4380

- (ix) CARACTERISTIQUE:
 (A) NOM/CLE: start CDS
 (B) EMPLACEMENT: 3406..3408
- (ix) CARACTERISTIQUE:
 (A) NOM/CLE: stop CDS
 (B) EMPLACEMENT: 4276..4278
- (ix) CARACTERISTIQUE:
 (A) NOM/CLE: site de polyAdenylation
 (B) EMPLACEMENT: 4374..4379
- (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1:

ACACCATTG TCTTCATGTA ACCCCATTAG CTATACCCTC TAGTGCAAGG AAACCATAGG	60
GCCTAGGTCA CACCATGAGG CTGCNCTTAC AAGTTATGCA AAAACTATGG ACTTGGGAGA	120
CCTGTGCGTA ACAACATCAC ACNCCAAATT TAACCAGCTC TCCCCATAAC AGCACGCTCA	180
TGTGTTACTG AGGAAATGCC TGTGGATTGG AGTGTGTTCT GTGTGCAGGA GGCTGGTCCA	240
GGTTTCACTT CTGCAGGACA CTGGACGTTT CCCAAAACCA GCAGACTTTC CCCACGTGCA	300
CACACACCCC TTCTCATTTT GCCTCTACAT CCATATCCAC TGGGCCCTTC AGGCACCTAC	360
TAA'TGCCCTA GAACTAAAA CCATCATCTG GGGCCCAGTT CCCTGAATGG CCCTAATCTC	420
TTCCTCTGCT GGAATGAGTC CAGTGCCAC TTCCTCCAAC GGTGAAATTG CTGGGCTGCT	480
ACAGATCAGG AACTCACTGC TTCCTCATAG GGGCAGCCGA CTTCAGTCT CTGCAACAGC	540
GACCACCCCT AGCGAGGCTT GAGATGCCTC TTGCCTCCTT AAGACTGAGG GAGACGCTTC	600
AGCTCTCACT CCACTGCCCC AAGTCCTCCA CAGCGCGGTG CCTGCTGCCT TCACACAGAG	660
CTGCAGGGGN AGGTCTGTG TATCCGGCCT GCTGGACCAG CGCTGTGCAC AACCTCCCA	720
TGGCAACAGT GGCTGCCCCG CCTGCACACT GGGCTTGGCA ACCTCGCTGT AGGTATTTAT	780
TCCCTCAGGA GTGACTGCAT TCTTTTCCCA TTTCCAGAAA ACTGATGCCA TTTACCTCAC	840
TATGAGGAGG AGGAGGAGGA GGAGGGTGGA GAGTGGTACA TTTTAAATG TGCACTATTC	900
TCCCTAGGAC TCCCCCTCAA ATAACCCAGG AGGGACCATA CCAGCTCATT CCTGTGTATC	960
CCAAGCATAN GAGTAATCAT CCCACTCATG CTGAGTGTAT GGTGGCCATT AAGCCTGCCC	1020
TGAACTGGCT TTAGAACAAG GTGTTTGAGC ACACAGCACC GTCTTGCTGC CACCTTGGCC	1080
CCCTCCCTTG TGAGACCTCT GAGACACATT NAGGTCTCAC CTAAAAATCT CAGGATTTCT	1140
AGGCCCAAAN CGGTCCTAAA AAATTGTTCA GTCTGAACTC TCTAAGGTCA AGAGAAGAGG	1200

TGGTTGCTCC CTCTAAGAAA CCACATGTTG CATGTACATC CTTAATTCCG GAAAGTCCAA	1260
CAAACCTGCC CTGCTTAGCA ACACAAGCCG AGGTGGTACT CCTCTCACCC GGGCATTCTC	1320
CAACACACCT GTTTGTCCAA ACAGCTTTGA TTTGTTTTTA TAGTTGGACC CCAGGTTCCC	1380
AGGAGGCTGG TTCAGGCCAT ATTCCAAATC CTCATCTGTG TGTGAGTGGC ATTCTTAGCC	1440
TAGCCTCCTT ACAGGGTGGG TACTATGATA CACAGCCAGG CTGTCCCAGT GGCTTTCAAT	1500
ATTCTTTTGG TCCAGATAGT TCAGCCTCAG CACCAGTGTA GGCATCACAG GGTCAATTGT	1560
CTTAGGAGTC ATGGAGAATT CATAGTTGGT AGCTACCTGG GCCTGGCCAG GGCTGACCAT	1620
AGACAAGGCA TCCCTCTGTG AACTCCTATT TTAATGCCAG CTTCCCAACA AATTTCTCAA	1680
CTGCTCTTAC CAGCAGGTAT TTAACTACT CAATAGAAAG TAACCCTGAA AATTAGGACA	1740
CCTGTTCCCA AAAGACCCCT AAATAGGGGA AGTCCTTCN CTGCTTGTGC ACAGCTGCTG	1800
ATGTGGCAAC ATGAGGCCTG GGACAGGGGA CTGTCCTCTG CCCACTCTGG TAGCCTCAGG	1860
TAGCTTAACA ATCTGTCAGT AATACAATAC AAAACTTAAA CTTTCATACT GCGGTTCCAC	1920
CCAGGAAGCT GTGTTCCCAA TCTGACCCGT GATTATGGGG CCACCTCAGA GGGNACCCAG	1980
TGAGGGAATA TTTTGCCATC TGGGACTGTT GGTGCTGGG GGCAGTGGCT ATGAGCTCAG	2040
TTAATAAACT CAAGCAGTTT CCTTCCAAAC ACACATGTCC TACTTAACGT GTCCAAACAGA	2100
GATGATCATA CTCATANGCT GCTAAAACAT TANTTTTATT TTGAGAAAAG TCTATTCATG	2160
TTCTTGGCCC ATGGAGTTTT CATTTNATTA NTTTATTTAT TTTGCAGAGA TGGAGTCTCA	2220
CTATGTTGCT CAAGCTGGTC TCCAACCTCCT GGGCTCAAGC GATCTTCCTA CTTTGGCCTT	2280
TGAAAGCGCT GAGATTGCCT GTGTGAGCCA TCATGGGGG TCACTGGCCC ACTGATTAAT	2340
CAGATTAATT GTTTTTTGCT ATTGAANTTG TTTGACTTCC TTGTATATTC GGATATTTAC	2400
CCATTCTAAC ACGTAGGGTT TGCAAATATT TTCTCTCATG TTCTGTGTTG CCTTTTCACT	2460
CAGTTGATGG TTTCTTTTGC TGTGCAGGTG CTTTAGTGTT CAACGCAGCC CCGCTTGTCT	2520
ATTTTCCATT TTATTGCCTG TCCCTTTGAT GTCATAGCCA AGAAATAATT GCCCAGATTA	2580
ATGTCAAAAA GCTTTATCCC TATATATTCT TCTAGTAGTT TATGGTTTCA GATCTTATGT	2640
TTAGGTCTTC AATCCATTGA GTTGATTTTT GTATGTGGTA TAAGAAAAAA GACCACATGT	2700
ATACATATCT CAAATTCTAA GGTAGTATAT ATTAGACACA TACAATGTGT CTATTTACAC	2760
ACATTGAGCT GAAAATAATA AACATATTTT TATCTTTCAA TCAACTCTAT CTCTATCTCA	2820

CTGAACTTGT TTCACCTATA GCCTGATGAG GTTGCTGTCC TCTCTACCCC AGCTCCTATA	2880
GGAGACTGCT CATCCCCTAA CCTCAAAAAC CCCTTCATGA GGGTGATAAT GCCCTTGAAT	2940
CCTGCAATGA ATTAGTTCTC TACTACAGTG GAATTCAGGT CTGTTATGAG GGTCTGGATC	3000
TCTGAAGAGA AGAGCTCTCA TTTTCAGAAA ATAAGCAGGA TTTATTCCCT GAAATTACTG	3060
AATTAAATCA CTGTTTCGAT TACTTTTTCG AATATTAATA GTAAATATTT AAACAGGTAA	3120
AAACAGAAAT AATGGTAGGG TCCTTATCAT CACCGTGAAT TCCAAGCTAG CATAGACACT	3180
AAACCTAGAG ATTCACACTA GAATGAAAGC TGGGAGAGCA GAGGAGTCTC AGAAGGATGT	3240
GGAGGCCAAT GGACACCTGC AACCTCTCCA ACGAAATGCC TACCTCCTCT CACTGCAGCA	3300
TCCATCTCTG AGCCTTCTCG CAGCAGAGCT ATAAATTCAG CCTGGCTCCT CCGTTCCCAAC	3360
ACATCCACTC CTGCTCTCCC TCCTCTCCTC CAGGTGACTA CAGTTATGAG GACCCTCACC	3420
CTCCTCTCTG CCTTTCTCCT GGTGGCCCTT CAGGCCTGGG CAGAGCCGCT CCAGGCAAGA	3480
GCTCATGAGA TGCCAGCCCA GAAGCAGCCT CCAGCAGATG ACCAGGATGT GGTCAATTTAC	3540
TTTTCAGGAG ATGACAGCTG CTCTCTTCAG GTTCCAGGTG AGAGATGCCA GCATGCAGAG	3600
CTACAGACTA GACAGAAGGA CAGGAGACAG GCTCTGGAAT TGGATCTCAG TGGCAGATGT	3660
CACTTAGGTG GCTATACTTA ACATCTCTGG TCCTGGATTT TCTCATATCT AAATGGAATA	3720
GAGAACCAAA GAAATCTAAG AGATTTTTCT TTCTCCAAA ACTTGATTCC AAGATATGAC	3780
TGTGAAATTC ACTAGATTTA AGATATAAGG AGATGCTACC TAGTTCCTTC TGGAGCCAGA	3840
CAAACAAGCT TAAGTATATA GGAAAATATT TCACCCTGTC TATATAGGAG GTTTTAGAAC	3900
CTGGAGAGGA GCCTAAGAAT GTGTTCAGGT GTGTGTGTGA TGGGCAGGAA TGCAGAAAAG	3960
TGAAGCAAAG GAGAATGAGT CTCGAATCCT GTGTGACCAG CACTGCTCTG TGTATTTATT	4020
CCTATTGACT GAGATTGTTT GTGCTACCGG CTGTAATACA GCCAACATCA CTCATCAGCC	4080
AACATGTGAC TTCTCCAAGA TTCCCTTTAC CACCCACTGC TGNACCCCGT ACTCAGTTTC	4140
TGATGCTCTC TCTGGGTCCC CAGGCTCAAC AAAGGGCTTG ATCTGCCATT GCAGAGTACT	4200
ATACTGCATT TTTGGAGAAC ATCTTGGTGG GACCTGCTTC ATCCTTGGTG AACGCTACCC	4260
AATCTGCTGC TACTAAGCTT GCAGACTAGA GAAAGAAGAGT TCATAATTTT CTTTGAGCAT	4320
TAAAGGGAAT TGTTATTCTT ATACCTTGTC CTCGATTTC TGTCCCTCATC CCAAATAAAT	4380
ACTTGGTAAC ATGATTTCGG GGTTTTTTTT TTTT	4415

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 2:

(i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:

- (A) LONGUEUR: 453 PAIRES DE BASE
- (B) TYPE: NUCLEOTIDE
- (C) NOMBRE DE BRINS: DOUBLE
- (D) CONFIGURATION: LINEAIRE

(ii) TYPE DE MOLECULE: ADNc

(vi) ORIGINE:

- (A) ORGANISME: Homo sapiens

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 2:

CTCTGCCCCAC TCTGGTAGCC TCACGTAGCT TAACAATCTG TGACTACAGT T ATG AGG	57
Met Arg	
1	
ACC CTC ACC CTC CTC TCT GCC TTT CTC CTG GTG GCC CTT CAG GCC TGG	105
Thr Leu Thr Leu Leu Ser Ala Phe Leu Leu Val Ala Leu Gln Ala Trp	
5 10 15	
GCA GAG CCG CTC CAG GCA AGA GCT CAT GAG ATG CCA GCC CAG AAG CAG	153
Ala Glu Pro Leu Gln Ala Arg Ala His Glu Met Pro Ala Gln Lys Gln	
20 25 30	
CCT CCA GCA GAT GAC CAG GAT GTG GTC ATT TAC TTT TCA GGA GAT GAC	201
Pro Pro Ala Asp Asp Gln Asp Val Val Ile Tyr Phe Ser Gly Asp Asp	
35 40 45 50	
AGC TGC TCT CTT CAG GTT CCA GGC TCA ACA AAG GGC TTG ATC TGC CAT	249
Ser Cys Ser Leu Gln Val Pro Gly Ser Thr Lys Gly Leu Ile Cys His	
55 60 65	
TGC AGA GTA CTA TAC TGC ATT TTT GGA GAA CAT CTT GGT GGG ACC TGC	297
Cys Arg Val Leu Tyr Cys Ile Phe Gly Glu His Leu Gly Gly Thr Cys	
70 75 80	
TTC ATC CTT GGT GAA CGC TAC CCA ATC TGC TGC TAC TAA GCTTGACAGAC	346
Phe Ile Leu Gly Glu Arg Tyr Pro Ile Cys Cys Tyr *	
85 90 95	
TAGAGAAAAA GAGTTCATAA TTTTCTTTGA GCATTAAAGG GAATTGTTAT TCTTATACCT	406
TGTCCTCGAT TTCCTGTCCT CATCCCAAAT AAATACTTGG TAACATG	453

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 3:

- (i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:
 (A) LONGUEUR: 94 ACIDES AMINES
 (B) TYPE: ACIDE AMINE
 (C) NOMBRE DE BRINS: SIMPLE
 (D) CONFIGURATION: LINEAIRE

(ii) TYPE DE MOLECULE: PROTEINE

- (vi) ORIGINE:
 (A) ORGANISME: Homo sapiens

- (ix) CARACTERISTIQUE:
 (A) NOM/CLE: PEPTIDE SIGNAL
 (B) EMPLACEMENT: 1..19

- (ix) CARACTERISTIQUE:
 (A) NOM/CLE: REGION PRO
 (B) EMPLACEMENT: 20..63

- (ix) CARACTERISTIQUE:
 (A) NOM/CLE: PEPTIDE MATURE
 (B) EMPLACEMENT: 64..94

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 3:

Met	Arg	Thr	Leu	Thr	Leu	Leu	Ser	Ala	Phe	Leu	Leu	Val	Ala	Leu	Gln	1	5	10	15
Ala	Trp	Ala	Glu	Pro	Leu	Gln	Ala	Arg	Ala	His	Glu	Met	Pro	Ala	Gln	20	25	30	
Lys	Gln	Pro	Pro	Ala	Asp	Asp	Gln	Asp	Val	Val	Ile	Tyr	Phe	Ser	Gly	35	40	45	
Asp	Asp	Ser	Cys	Ser	Leu	Gln	Val	Pro	Gly	Ser	Thr	Lys	Gly	Leu	Ile	50	55	60	
Cys	His	Cys	Arg	Val	Leu	Tyr	Cys	Ile	Phe	Gly	Glu	His	Leu	Gly	Gly	65	70	75	80
Thr	Cys	Phe	Ile	Leu	Gly	Glu	Arg	Tyr	Pro	Ile	Cys	Cys	Tyr			85	90		

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 4:

- (i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:
- (A) LONGUEUR: 19 ACIDES AMINES
 - (B) TYPE: ACIDE AMINE
 - (C) NOMBRE DE BRINS: SIMPLE
 - (D) CONFIGURATION: LINEAIRE

(ii) TYPE DE MOLECULE: PEPTIDE SIGNAL

(vi) ORIGINE:

(A) ORGANISME: Homo sapiens

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 4:

Met Arg Thr Leu Thr Leu Leu Ser Ala Phe Leu Leu Val Ala Leu Gln
1 5 10 15

Ala Trp Ala

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 5:

- (1) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:
- (A) LONGUEUR: 44 ACIDES AMINES
 - (B) TYPE: ACIDE AMINE
 - (C) NOMBRE DE BRINS: SIMPLE
 - (D) CONFIGURATION: LINEAIRE

(ii) TYPE DE MOLECULE: REGION PRO

(v1) ORIGINE:

(A) ORGANISME: Homo sapiens

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 5:

Glu Pro Leu Gln Ala Arg Ala His Glu Met Pro Ala Gln Lys Gln Pro
1 5 10 15

Pro Ala Asp Asp Gln Asp Val Val Ile Tyr Phe Ser Gly Asp Asp Ser
20 25 30

Cys Ser Leu Gln Val Pro Gly Ser Thr Lys Gly Leu
35 40

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 6:

- (i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:
(A) LONGUEUR: 31 ACIDES AMINES
(B) TYPE: ACIDE AMINE
(C) NOMBRE DE BRINS: SIMPLE
(D) CONFIGURATION: LINEAIRE

(ii) TYPE DE MOLECULE: PEPTIDE MATURE

- (vi) ORIGINE:
(A) ORGANISME: Homo sapiens

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 6:

Ile	Cys	His	Cys	Arg	Val	Leu	Tyr	Cys	Ile	Phe	Gly	Glu	His	Leu	Gly
1				5				10						15	
Gly	Thr	Cys	Phe	Ile	Leu	Gly	Glu	Arg	Tyr	Pro	Ile	Cys	Cys	Tyr	
			20					25					30		

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International Application No

PCT/FR 98/01864

A. CLASSIFICATION OF SUBJECT MATTER

IPC 6 C07K14/47 C12N15/12 C12N15/63 C07K16/18 A61K38/17
G01N33/00

According to International Patent Classification (IPC) or to both national classification and IPC

B. FIELDS SEARCHED

Minimum documentation searched (classification system followed by classification symbols)

IPC 6 C07K

Documentation searched other than minimum documentation to the extent that such documents are included in the fields searched

Electronic data base consulted during the international search (name of data base and, where practical, search terms used)

C. DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT

Category *	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No.
X	WILDE C G ET AL: "PURIFICATION AND CHARACTERIZATION OF HUMAN NEUTROPHIL PEPTIDE 4, A NOVEL MEMBER OF THE DEFENSIN FAMILY" JOURNAL OF BIOLOGICAL CHEMISTRY, vol. 264, no. 19, 5 July 1989, pages 11200-11203, XP000027256 see the whole document ---	1, 2, 4, 6-18
X	US 5 641 497 A (BEVINS CHARLES L ET AL) 24 June 1997 see the whole document --- -/--	1, 2, 4, 6-18, 20, 23-27, 31-37

☒ Further documents are listed in the continuation of box C.

☒ Patent family members are listed in annex.

* Special categories of cited documents:

"A" document defining the general state of the art which is not considered to be of particular relevance

"E" earlier document but published on or after the international filing date

"L" document which may throw doubts on priority claim(s) or which is cited to establish the publication date of another citation or other special reason (as specified)

"O" document referring to an oral disclosure, use, exhibition or other means

"P" document published prior to the international filing date but later than the priority date claimed

"T" later document published after the international filing date or priority date and not in conflict with the application but cited to understand the principle or theory underlying the invention

"X" document of particular relevance; the claimed invention cannot be considered novel or cannot be considered to involve an inventive step when the document is taken alone

"Y" document of particular relevance; the claimed invention cannot be considered to involve an inventive step when the document is combined with one or more other such documents, such combination being obvious to a person skilled in the art.

"Z" document member of the same patent family

Date of the actual completion of the international search

11 November 1998

Date of mailing of the international search report

07/12/1998

Name and mailing address of the ISA

European Patent Office, P.B. 5818 Patentlaan 2
NL - 2280 HV Rijswijk
Tel. (+31-70) 340-2040, Tx. 31 651 epo nl,
Fax: (+31-70) 340-3016

Authorized officer

Panzica, G

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International Application No

PCT/FR 98/01864

C.(Continuation) DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT

Category	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No.
X	<p>US 5 242 902 A (MURPHY CHRISTOPHER J ET AL) 7 September 1993</p> <p>see column 1, line 1 - column 3, line 18 see table 1 see column 6, line 54 - column 8, line 40</p>	<p>1,4, 6-18, 21-27</p>
X	<p>WO 89 11291 A (INVITRON CORP) 30 November 1989</p> <p>see abstract see page 1, line 5 - page 4, line 27 see page 7, line 1 - page 12, line 18</p>	<p>1,4, 6-18,21, 23-26</p>
A	<p>WO 94 21672 A (UNIV CALIFORNIA) 29 September 1994 see abstract</p>	<p>1-18</p>
A	<p>WO 95 32287 A (MAGAININ PHARMA) 30 November 1995</p> <p>see abstract see page 2 - page 18</p>	<p>1,4, 6-18, 23-28</p>

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

Information on patent family members

International Application No

PCT/FR 98/01864

Patent document cited in search report	Publication date	Patent family member(s)	Publication date
US 5641497 A	24-06-1997	AU 4381493 A CA 2135194 A EP 0650494 A JP 7507213 T WO 9324513 A	30-12-1993 09-12-1993 03-05-1995 10-08-1995 09-12-1993
US 5242902 A	07-09-1993	NONE	
WO 8911291 A	30-11-1989	US 5032574 A AT 108662 T AU 633832 B AU 3778289 A DE 68916932 D DE 68916932 T EP 0378641 A JP 2504396 T JP 2795286 B US 5210027 A	16-07-1991 15-08-1994 11-02-1993 12-12-1989 25-08-1994 03-11-1994 25-07-1990 13-12-1990 10-09-1998 11-05-1993
WO 9421672 A	29-09-1994	US 5459235 A AU 679739 B AU 6523994 A CA 2155739 A EP 0689550 A JP 8508165 T US 5821224 A	17-10-1995 10-07-1997 11-10-1994 29-09-1994 03-01-1996 03-09-1996 13-10-1998
WO 9532287 A	30-11-1995	US 5550109 A AU 2654395 A US 5656738 A	27-08-1996 18-12-1995 12-08-1997

RAPPORT DE RECHERCHE INTERNATIONALE

Der. = Internationale No

PCT/FR 98/01864

A. CLASSEMENT DE L'OBJET DE LA DEMANDE

CIB 6 C07K14/47 C12N15/12 C12N15/63 C07K16/18 A61K38/17
G01N33/00

Selon la classification internationale des brevets (CIB) ou à la fois selon la classification nationale et la CIB

B. DOMAINES SUR LESQUELS LA RECHERCHE A PORTE

Documentation minimale consultée (système de classification suivi des symboles de classement)

CIB 6 C07K

Documentation consultée autre que la documentation minimale dans la mesure où ces documents relèvent des domaines sur lesquels a porté la recherche

Base de données électronique consultée au cours de la recherche internationale (nom de la base de données, et si réalisable, termes de recherche utilisés)

C. DOCUMENTS CONSIDERES COMME PERTINENTS

Catégorie *	Identification des documents cités, avec, le cas échéant, l'indication des passages pertinents	no. des revendications visées
X	WILDE C G ET AL: "PURIFICATION AND CHARACTERIZATION OF HUMAN NEUTROPHIL PEPTIDE 4, A NOVEL MEMBER OF THE DEFENSIN FAMILY" JOURNAL OF BIOLOGICAL CHEMISTRY, vol. 264, no. 19, 5 juillet 1989, pages 11200-11203, XP000027256 voir le document en entier ---	1, 2, 4, 6-18
X	US 5 641 497 A (BEVINS CHARLES L ET AL) 24 juin 1997 voir le document en entier --- -/-	1, 2, 4, 6-18, 20, 23-27, 31-37



Voir la suite du cadre C pour la fin de la liste des documents



Les documents de familles de brevets sont indiqués en annexe

* Catégories spéciales de documents cités:

- "A" document définissant l'état général de la technique, non considéré comme particulièrement pertinent
- "E" document antérieur, mais publié à la date de dépôt international ou après cette date
- "L" document pouvant jeter un doute sur une revendication de priorité ou cité pour déterminer la date de publication d'une autre citation ou pour une raison spéciale (telle qu'indiquée)
- "O" document se référant à une divulgation orale, à un usage, à une exposition ou tous autres moyens
- "P" document publié avant la date de dépôt international, mais postérieurement à la date de priorité revendiquée

"T" document ultérieur publié après la date de dépôt international ou la date de priorité et n'appartenant pas à l'état de la technique pertinent, mais cité pour comprendre le principe ou la théorie constituant la base de l'invention

"X" document particulièrement pertinent; l'invention revendiquée ne peut être considérée comme nouvelle ou comme impliquant une activité inventive par rapport au document considéré isolément

"Y" document particulièrement pertinent; l'invention revendiquée ne peut être considérée comme impliquant une activité inventive lorsque le document est associé à un ou plusieurs autres documents de même nature, cette combinaison étant évidente pour une personne du métier

"&" document qui fait partie de la même famille de brevets

Date à laquelle la recherche internationale a été effectivement achevée

11 novembre 1998

Date d'expédition du présent rapport de recherche internationale

07/12/1998

Nom et adresse postale de l'administration chargée de la recherche internationale

Office Européen des Brevets, P.B. 5818 Patentiaan 2
NL - 2280 HV Rijswijk
Tel. (+31-70) 340-2040, Tx. 31 651 epo nl,
Fax: (+31-70) 340-3016

Fonctionnaire autorisé

Panzica, G

RAPPORT DE RECHERCHE INTERNATIONALE

Den : Internationale No

PCT/FR 98/01864

C.(suite) DOCUMENTS CONSIDERES COMME PERTINENTS

Catégorie	Identification des documents cités. avec le cas échéant, l'indication des passages pertinents	no. des revendications visées
X	<p>US 5 242 902 A (MURPHY CHRISTOPHER J ET AL) 7 septembre 1993</p> <p>voir colonne 1, ligne 1 - colonne 3, ligne 18 voir tableau 1 voir colonne 6, ligne 54 - colonne 8, ligne 40</p> <p>---</p>	<p>1,4, 6-18, 21-27</p>
X	<p>WO 89 11291 A (INVITRON CORP) 30 novembre 1989</p> <p>voir abrégé voir page 1, ligne 5 - page 4, ligne 27 voir page 7, ligne 1 - page 12, ligne 18</p> <p>---</p>	<p>1,4, 6-18,21, 23-26</p>
A	<p>WO 94 21672 A (UNIV CALIFORNIA) 29 septembre 1994 voir abrégé</p> <p>---</p>	<p>1-18</p>
A	<p>WO 95 32287 A (MAGAININ PHARMA) 30 novembre 1995</p> <p>voir abrégé voir page 2 - page 18</p> <p>-----</p>	<p>1,4, 6-18, 23-28</p>

RAPPORT DE RECHERCHE INTERNATIONALE

Renseignements relatifs aux membres de familles de brevets

Der e Internationale No

PCT/FR 98/01864

Document brevet cité au rapport de recherche	Date de publication	Membre(s) de la famille de brevet(s)	Date de publication
US 5641497 A	24-06-1997	AU 4381493 A CA 2135194 A EP 0650494 A JP 7507213 T WO 9324513 A	30-12-1993 09-12-1993 03-05-1995 10-08-1995 09-12-1993
US 5242902 A	07-09-1993	AUCUN	
WO 8911291 A	30-11-1989	US 5032574 A AT 108662 T AU 633832 B AU 3778289 A DE 68916932 D DE 68916932 T EP 0378641 A JP 2504396 T JP 2795286 B US 5210027 A	16-07-1991 15-08-1994 11-02-1993 12-12-1989 25-08-1994 03-11-1994 25-07-1990 13-12-1990 10-09-1998 11-05-1993
WO 9421672 A	29-09-1994	US 5459235 A AU 679739 B AU 6523994 A CA 2155739 A EP 0689550 A JP 8508165 T US 5821224 A	17-10-1995 10-07-1997 11-10-1994 29-09-1994 03-01-1996 03-09-1996 13-10-1998
WO 9532287 A	30-11-1995	US 5550109 A AU 2654395 A US 5656738 A	27-08-1996 18-12-1995 12-08-1997

**This Page is Inserted by IFW Indexing and Scanning
Operations and is not part of the Official Record**

BEST AVAILABLE IMAGES

Defective images within this document are accurate representations of the original documents submitted by the applicant.

Defects in the images include but are not limited to the items checked:

- ☒ **BLACK BORDERS**
- ☐ **IMAGE CUT OFF AT TOP, BOTTOM OR SIDES**
- ☐ **FADED TEXT OR DRAWING**
- ☒ **BLURRED OR ILLEGIBLE TEXT OR DRAWING**
- ☐ **SKEWED/SLANTED IMAGES**
- ☒ **COLOR OR BLACK AND WHITE PHOTOGRAPHS**
- ☐ **GRAY SCALE DOCUMENTS**
- ☒ **LINES OR MARKS ON ORIGINAL DOCUMENT**
- ☐ **REFERENCE(S) OR EXHIBIT(S) SUBMITTED ARE POOR QUALITY**
- ☐ **OTHER:** _____

IMAGES ARE BEST AVAILABLE COPY.

As rescanning these documents will not correct the image problems checked, please do not report these problems to the IFW Image Problem Mailbox.